

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 7 : C12Q 1/68		A1	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 00/61796
			(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 19. Oktober 2000 (19.10.00)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP00/03187		(81) Bestimmungsstaaten: AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW, ARIPO Patent (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI Patent (BF, BJ, CP, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).	
(22) Internationales Anmeldedatum: 10. April 2000 (10.04.00)			
(30) Prioritätsdaten: 199 16 227.1 10. April 1999 (10.04.99) DE 99116340.3 19. August 1999 (19.08.99) EP			
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): MERLIN GESELLSCHAFT FÜR MIKROBIOLOGISCHE DIAGNOSTIKA MBH [DE/DE]; Kleinstrasse 14, D-53332 Bornheim-Hersel (DE).			
(72) Erfinder; und		Veröffentlicht	
(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): HEISIG, Peter [DE/DE]; Langgasse 83, D-53859 Niederkassel (DE). FUCHS-GOMEZ, Yolanda [US/US]; 17322 38th Ave. W, Lynnwood, WA 98037 (US).		Mit internationalem Recherchenbericht. Vor Ablauf der für Änderungen der Ansprüche zugelassenen Frist; Veröffentlichung wird wiederholt falls Änderungen eintreffen.	
(74) Anwälte: MEYERS, Hans-Wilhelm usw.; Von Kreisler Seling Werner, Postfach 10 22 41, D-50462 Köln (DE).			
(54) Title: GENOTYPIC CLASSIFICATION METHOD			
(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR GENOTYPISCHEN KLASIFIZIERUNG			
(57) Abstract			
<p>The invention relates to a method for genotypic classification of bacteria, characterized in that sequences of partial areas of at least one gene selected from the groups consisting of <i>gyrA</i>, <i>gyrB</i>, <i>parC</i> and <i>parE</i> are determined and classification is done by comparison with known sequences of the corresponding genes of the bacteria, wherein the codons for the amino acids Gly-81, Ser-83, Ala-84, Asp-87 according to the numbering of <i>E. coli</i>-<i>gyrA</i> gene are not taken into account in the comparison in the case of the <i>gyrA</i> gene; the codons for the amino acids Gly-78, Ser-80, Ala-81, Glu-84 according to the numbering of the <i>E. coli</i>-<i>parC</i> gene are not taken into account in the comparison in the case of the <i>parC</i> gene; the codons for the amino acids Asp-426 and Lys-447 according to the numbering of the <i>E. coli</i>-<i>gyrB</i> gene are not taken into account in the comparison in the case of the <i>gyrB</i> gene and the codons for the amino acids Asp-420 and Lys-441 according to the numbering of the <i>E. coli</i>-<i>parE</i> gene are not taken into account in the comparison in the case of the <i>parE</i> gene.</p>			
(57) Zusammenfassung			
<p>Das Verfahren zur genotypischen Klassifizierung von Bakterien, dadurch gekennzeichnet, dass Sequenzen von Teilbereichen mindestens eines Gens ausgewählt aus der Gruppe <i>gyrA</i>, <i>gyrB</i>, <i>parC</i> und <i>parE</i> bestimmt werden und die Klassifizierung durch Vergleich mit den bekannten Sequenzen der jeweiligen Gene von Bakterien erfolgt, wobei im Falle des <i>gyrA</i>-Gens die Codons für die Aminosäuren Gly-81, Ser-83, Ala-84, Asp-87 gemäß der Nummerierung des <i>E. coli</i>-<i>gyrA</i>-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben; im Falle des <i>parC</i>-Gens die Codons für die Aminosäuren Gly-78, Ser-80, Ala-81, Glu-84 gemäß der Nummerierung des <i>E. coli</i>-<i>parC</i>-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben; im Falle des <i>gyrB</i>-Gens die Codons für die Aminosäuren Asp-426 und Lys-447 gemäß der Nummerierung des <i>E. coli</i>-<i>gyrB</i>-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben und im Falle des <i>parE</i>-Gens die Codons für die Aminosäuren Asp-420 und Lys-441 gemäß der Nummerierung des <i>E. coli</i>-<i>parE</i>-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben.</p>			

Gly	Leu	Phe	Leu	Val	Gly	Gly	Asp	420	<i>E. coli</i>
GAG	CTG	TTC	CTT	GTC	GAA	GCT	GAC		<i>E. coli</i>
GAG	CTG	TTC	CTT	GTC	GAA	GCT	GAT		<i>S. tym.</i>
GAA	CTC	TAC	CTA	GTT	GAG	GCG	GAC		<i>S. pne.</i>
GAA	TTC	TAC	CTC	GTT	GAG	GGA	GAT		<i>B. sub.</i>
GAG	TTC	TTC	ATC	GTT	GAA	GCT	GAT		<i>M. gen.</i>
GAG	CTG	TTC	ATC	GTC	GAA	GCC	GAC		<i>C. cre.</i>
<i>For</i> <i>Ala</i> <i>Gly</i> <i>Gly</i> <i>Asp</i> <i>Ala</i> <i>Lys</i> <i>Gly</i> <i>Ala</i> <i>Arg</i>								430	
TCC	CCA	GCG	TCC	GCC	AGC	AGG	CAG		<i>E. coli</i>
TCC	CCA	GCG	TCC	GCC	AGC	AGG	CAG		<i>S. tym.</i>
TCA	CCA	GCT	TCC	GCC	AAA	AGG	CAG		<i>S. pne.</i>
TCA	CCA	GCA	TCC	GCC	AGC	AGG	CAG		<i>B. sub.</i>
ATG	GCG	GCT	AGC	ACT	GCT	AAA	ATG		<i>M. gen.</i>
ATG	GCC	GCG	AGC	ACT	GCT	AGA	ATG		<i>C. cre.</i>
ATC	GCC	GCG	TCC	GCC	AGC	AGG	CAG		
<i>Asp</i> <i>Arg</i> <i>Glu</i> <i>Tyr</i> <i>Gln</i> <i>Ala</i> <i>Ile</i> <i>Met</i> <i>Pro</i> <i>Leu</i>								440	
GAT	CGC	GAA	TAT	CAG	GCG	ATG	CCA	CTG	<i>E. coli</i>
GAT	CGC	GAA	TAC	CAG	GCG	ATG	CCA	CTG	<i>S. tym.</i>
GAC	CGC	GAC	TAC	CAG	GCG	ATG	CCA	CTG	<i>S. pne.</i>
GAC	CGC	GAC	TCA	CAG	GCG	ATG	CCA	CTG	<i>B. sub.</i>
GAT	AGA	ATG	TTC	CAG	GCT	ATG	CCA	CTG	<i>M. gen.</i>
GAC	CGC	AGC	TAC	CAG	GCG	ATG	CCA	CTG	<i>C. cre.</i>
<i>Lys</i> <i>Gly</i> <i>Lys</i> <i>Ile</i> <i>Leu</i> <i>Asn</i> <i>Thr</i>								450	
AAA	GCT	AGC	ATC	CTT	AAA	ACC			<i>E. coli</i>
AAA	GCT	AGC	ATC	CTT	AAA	ACC			<i>S. tym.</i>
GCG	GCT	AGC	ATC	CTT	AAA	ACC			<i>S. pne.</i>
GCG	GCT	AGC	ATC	CTT	AAA	ACA			<i>B. sub.</i>
GCG	GCT	AGC	ATC	CTT	AAA	ACA			<i>M. gen.</i>
GCG	GCT	AGC	ATC	CTC	AAA	ACA			<i>C. cre.</i>

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Darüber hinaus ist die Sensitivität der 16S-rRNA Methode für die Familie der Enterobakteriaceae gering, da es keine speziespezifischen Variationen der Gene gibt (Kriterium 5) (Fox et al., Int. J. Syst. Bacteriol. 42 (1992) 166-170; Staekebrandt and Goebel, Int. J. Syst. Bacteriol. 44 (1994) 846-849).

Als ein alternativer Ansatz zur Klassifizierung auf der Basis der 16S-rRNA-Gene wurden kürzlich Teilsequenzen des *rpoB*-Gens vorgeschlagen, mit denen Enterobakterienspezies unterschieden werden können (Mollet et al., Mol. Microbiol. 26 (1997) 1005-1011). Abgesehen von der nur begrenzten Verfügbarkeit von Sequenz-Informationen über das *rpoB*-Gen ist dieses trotzdem erfolgreich zur Klassifizierung von Archaea und Bacteria eingesetzt worden (Pühler et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86 (1989) 4569-4573; Klenk & Zillig, J. Mol. Evol. 38 (1994) 420-432; Rowland et al., Biochem. Soc. Trans. 21 (1992) 40S).

Daher ist anzunehmen, dass das *rpoB*-Gen auch die Kriterien 1, 2, 4 und 6 der oben genannten Aufstellung erfüllt. Bisher gibt es keine Berichte, dass mehr als eine Kopie des *rpoB*-Gens in einem Stamm vorliegt, daher wird auch das Kriterium 3 erfüllt.

Im Gegensatz zu den 16S-rRNA-Genen, die kein Protein kodieren, ist das Alignment von einem unbekannten *rpoB*-Gen durch die Existenz eines Leserahmens für das konservierte Protein erleichtert. Bei der Untersuchung von klinisch relevanten Bakterien, die häufig Mutationen im Zusammenhang mit der Rifampin-Resistenz tragen, treten jedoch nicht nur Punktmutationen, sondern auch Deletionen und Insertionen (Musser, Clin. Microbiol. Rev. 8 (1995) 496-514) auf, die die Anwendung konventioneller Hybridisierungstechniken zur Identifizierung erschweren. Die automatische Bestimmung und der Vergleich von DNA-Sequenzen aus einer Vielzahl von Isolaten ist nicht einfach und erschwert die Anwendung des Verfahrens in der Routinediagnostik.

Die Aufgabe der vorliegenden Erfindung ist es, ein Verfahren zur genotypischen Klassifizierung bereitzustellen, dass die oben genannten Nachteile der bekannten Verfahren überwindet.

Gelöst wird die Aufgabe durch ein Verfahren mit den Merkmalen des Patentanspruchs 1.

Das erfindungsgemäße Verfahren zur genotypischen Klassifizierung von Bakterien ist dadurch gekennzeichnet, dass

Sequenzen von Teilbereichen mindestens eines Gens ausgewählt aus der Gruppe *gyrA*, *gyrB*, *parC* und *parE* bestimmt werden und

die Klassifizierung durch Vergleich mit den bekannten Sequenzen der jeweiligen Gene von Bakterien erfolgt, wobei

- im Falle des *gyrA*-Gens die Codons für die Aminosäuren Gly-81, Ser-83, Ala-84, Asp-87 gemäß der Nummerierung des *E.coli-gyrA*-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben;
- im Falle des *parC*-Gens die Codons für die Aminosäuren Gly-78, Ser-80, Ala-81, Glu-84 gemäß der Nummerierung des *E.coli-parC*-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben;
- im Falle des *gyrB*-Gens die Codons für die Aminosäuren Asp-426 und Lys-447 gemäß der Nummerierung des *E.coli-gyrB*-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben und
- im Falle des *parE*-Gens die Codons für die Aminosäuren Asp-420 und Lys-441 gemäß der Nummerierung des *E.coli-parE*-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben.

Das neue Verfahren beruht auf der Analyse von spezies- und subspeziesspezifischen DNA-Sequenzvariationen in konservierten Bereichen der Gene *gyrA*, *gyrB*, *parC* und *parE*, die für Untereinheiten der bakteriellen Topoisomerase II (Gyrase) und Topoisomerase IV codieren. Die beobachteten Reaktionen betreffen im wesentlichen die dritte "wobble" Position verschiedener Codons in diesen Regionen, die daher in den meisten Fällen nicht die Aminosequenz des exprimierten Proteins ändern.

Innerhalb der Gene befinden sich auch die Abschnitte (quinolone resistance-determining regions, QRDR), in denen alle bislang mit Chinolonresistenz assoziierten Mutationen enthalten sind. Die entsprechenden Resistenz-Mutationen sind häufig Punkt-Mutationen, die nur einzelne Aminosäuren betreffen. Im Falle des *gyrA*-Gens sind dies insbesondere Glycin-81, Serin-83, Alanin-84 und Aspartat-87 bezogen auf die Numerierung des *E.coli*-*gyrA*-Gens. Für das *parC*-Gen sind im wesentlichen die Aminosäuren Glycin-78, Serin-80, Alanin-81 und Glutamat-84 an der Chinolon-Resistenz beteiligt. Die entsprechenden Aminosäuren sind im Falle des *gyrB*-Gens Aspartat-426 und Lysin-447 bzw. im Falle des *parE*-Gens Aspartat-420 und Lysin-441. Da diese Mutationen nicht speziesspezifisch sind, bleiben sie erfindungsgemäß bei der Klassifizierung der Bakterien unberücksichtigt. Soweit bekannt ist, sind die Gene *gyrA* und *gyrB* in allen bislang untersuchten Bakterien (*parC*, *ParE* - noch - nicht in Mycobakterien) vorhanden, liegen nur als einfache Kopie vor und sind auf Proteinebene in den angegebenen Bereichen hochkonserviert. Es wird bevorzugt, dass zumindest zwei Gene gleichzeitig zur Klassifizierung eingesetzt werden.

Die Bestimmung der Sequenzen erfolgt vorzugsweise zunächst über einen Amplifizierungsschritt für Teilbereiche der Gene. Dazu werden beispielsweise mit Hilfe der Polymerase-Chain-Reaction unter Verwendung von Primerpaaren, die an hochkonservierte, flankierende Bereiche der Teilbereiche des Gens binden, die für die Klassifizierung relevanten Bereiche amplifiziert. Die Bestimmung kann entweder durch Sequenzierung der amplifizierten Bereiche oder durch Hybridi-

sierung der amplifizierten Bereiche mit speziespezifischen Oligonukleotiden, gefolgt von beispielsweise spektroskopischer Analyse der Hybridisierung, erfolgen. Die speziespezifischen Oligonukleotid-Sonden weisen dabei bevorzugt eine Länge von 8 bis 14 Nukleotiden auf. Vorzugsweise kann für das erfindungsgemäße Verfahren die Array-Technologie eingesetzt werden, bei der die komplementären Oligonukleotide an einer Oberfläche fixiert sind, wobei die Analyse durch Markierung der Oligonukleotide mit verschiedenen Fluoreszenzfarbstoffen erleichtert werden kann.

Das erfindungsgemäße Verfahren erlaubt nicht nur die genotypische Klassifizierung von Bakterien, sondern darüber hinaus eine weitere Unterteilung auf Subspeziesniveau, wobei auch epidemiologische Beziehungen zwischen verschiedenen Isolaten aufgezeigt werden können. Darüber hinaus kann gleichzeitig das Vorliegen von Chinolon-Resistenz-Mutationen der isolierten Bakterien nachgewiesen werden.

Beansprucht werden daher auch Nukleinsäuren mit der Seq ID-Nr. 1 bis 13 sowie Fragmente der Nukleinsäuren mit einer Länge von mindestens acht Nukleotiden. Diese Nukleinsäuren und ihre Fragmente können als Sonden zur Klassifizierung von Bakterien verwendet werden.

Gegenstand der Erfindung ist weiterhin eine Zusammensetzung, die mindestens zwei Nukleinsäuren, die spezifisch für Sequenzen von Teilbereichen von Genen, ausgewählt aus der Gruppe *gyrA*, *gyrB*, *parC* und *parE* von Bakterien-Spezies sind sowie eine Analysevorrichtung zur Klassifizierung von Bakterien, wobei die Analysevorrichtung Nukleinsäuren enthält, die spezifisch für Sequenzen von Teilbereichen von Genen, ausgewählt aus der Gruppe *gyrA*, *gyrB*, *parC* und *parE* von Bakterien-Spezies sind. Auch die Verwendung dieser Analysevorrichtung oder der oben genannten Zusammensetzung zur analytischen oder diagnostischen Klassifizierung von Bakterien ist Gegenstand der Erfindung.

Die Figuren 1 bis 4 zeigen den Vergleich der Sequenzen *gyrA*, *gyrB*, *parC* und *parE* der verschiedenen Bakterienspezies mit der *E.coli* K12-Sequenz. Abweichung in den Sequenzen gegenüber der *E.coli* K12-Sequenz sind jeweils Fett gedruckt. Unterstreichungen kennzeichnen Aminosäureveränderungen (Figuren 2 bis 4).

Das erfindungsgemäße Verfahren soll durch folgendes Beispiel erläutert werden:

Ausgangspunkt für die Untersuchung ist eine repräsentative Einzelkolonie, die aus dem Untersuchungsmaterial (Infektionsherd) eines Patienten isoliert wurde. Diese Kolonie wird in sterilem Wasser (50 bis 100 µl) resuspendiert. Durch Aufkochen (15 min) wird Vorlagen-DNA für eine anschließende Amplifikationsreaktion gewonnen.

Zu dieser Vorlagen-DNA werden spezifische Oligonukleotide als Primerpaare zugesetzt sowie Desoxynukleotidtriphosphate, geeigneter Puffer (z.B. für Taq-DNA-Polymerase für den Fall, daß eine PCR durchgeführt wird) und eine Enzym (z.B. Taq-DNA-Polymerase). Im Falle von Enterobakterien hat sich folgende Kombination von Primern für die Gene *gyrA* bzw. *parC* bewährt:

gyrA5-1: 5'-GAATCCGGGATACAGTAGAGGGATAG-3'

gyrA3-1: 5'-CCTTAAACCAACCGTACTGCAGGCCT-3'

parC-S: 5'-GTATGCGATGTCTGAACCTGGGCCTG-3'

parC-U: 5'-ACCGGGATTCGGTGTAAACGCATTGC-3'

parE5': 5'-GAG CTG TTC CTT GTG GAA GG-3'

oder 5'-GAG CTG TTT CTT GTG GAG GG-3'

parE3': 5'-GGT GTT AAG GAT CTT ACC-3'

oder 5'-GGT ATT AAG GAC CTT ACC-3'

- 8 -

gyrB5': 5'-CTG CCG GGC AAA CTG GC-3'
oder 5'-CTG CCG GGC AAA CTA GC-3'

gyrB3': 5'-AC GTT GAG GAT TTT ACC-3'
oder 5'-AC GTT AAG AAT TTT ACC-3'

Die durch Amplifikation (30 Zyklen mit folgendem Temperaturprofil 30 s 95°C, 30 s 50°C; 45 s 72°C) erhaltenen DNA-Fragmente werden durch Abtrennung von Primer, Enzym und Vorlagen-DNA gereinigt.

Das gereinigte Fragment wird für eine DNA-Sequenzanalyse der QRDR-Bereiche eingesetzt (z.B. mittels Hybridisierung mit einem Array aus Octamer-Oligonukleotiden, SBH). Ziel ist die Identifizierung von spezifischen Sequenzvariationen, wie sie in den Figuren 1 bis 4 als charakteristisch für einzelne Species oder Subspecies gekennzeichnet sind.

Aufgrund der Übereinstimmung dieser ermittelten Sequenzvariationen im Vergleich mit bekannten Variationen (in einer Datenbank) wird dann das untersuchte Isolat einer Species zugeordnet.

Patentansprüche

1. Verfahren zur genotypischen Klassifizierung von Bakterien, dadurch gekennzeichnet, dass

Sequenzen von Teilbereichen mindestens eines Gens ausgewählt aus der Gruppe *gyrA*, *gyrB*, *parC* und *parE* bestimmt werden und

die Klassifizierung durch Vergleich mit bekannten Sequenzen der jeweiligen Gene von Bakterien erfolgt, wobei

- im Falle des *gyrA*-Gens die Codons für die Aminosäuren Gly-81, Ser-83, Ala-84, Asp-87 gemäß der Nummerierung des *E.coli-gyrA*-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben;
- im Falle des *parC*-Gens die Codons für die Aminosäuren Gly-78, Ser-80, Ala-81, Glu-84 gemäß der Nummerierung des *E.coli-parC*-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben;
- im Falle des *gyrB*-Gens die Codons für die Aminosäuren Asp-426 und Lys-447 gemäß der Nummerierung des *E.coli-gyrB*-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben und
- im Falle des *parE*-Gens die Codons für die Aminosäuren Asp-420 und Lys-441 gemäß der Nummerierung des *E.coli-parE*-Gens für den Vergleich unberücksichtigt bleiben.

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Bestimmung der Sequenzen einen Amplifizierungsschritt für Teilbereiche der Gene umfasst.

3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass die Bestimmung der Sequenzen eine Sequenzierungsreaktion umfasst.
4. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 2, dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren die Hybridisierung der Sequenzen mit spezies-spezifischen Oligonukleotidsonden und spektroskopischer Analyse der Hybridisierung umfasst.
5. Nukleinsäure mit der Seq. ID-Nr. 1 bis 13 und Fragmente mit einer Länge von mindestens 8, bevorzugt 12 Nukleotiden.
6. Verwendung der Nukleinsäure mit der Seq. ID-Nr. 1 bis 13 und Fragmente mit einer Länge von mindestens 8 Nukleotiden als Sonden zur Klassifizierung von Bakterien.
7. Analysevorrichtung zur Klassifizierung von Bakterien, dadurch gekennzeichnet, dass die Analysevorrichtung Nukleinsäuren enthält, die spezifisch für Sequenzen von Teilbereichen von Genen, ausgewählt aus der Gruppe *gyrA*, *gyrB*, *parC* und *parE* von Bakterien-Spezies sind.
8. Zusammensetzung enthaltend mindestens zwei Nukleinsäuren, die spezifisch für Sequenzen von Teilbereichen von Genen, ausgewählt aus der Gruppe *gyrA*, *gyrB*, *parC* und *parE* von Bakterien-Spezies sind.
9. Verwendung der Analysevorrichtung gemäß Anspruch 7 oder der Zusammensetzung gemäß Anspruch 8 zur analytischen oder diagnostischen Klassifizierung von Bakterien.

- 1/9 -

Figur 1-1

41	51	
CTGAAGCCGG TACACCGTCG CGTACTTTAC	GCCATGAACG TACTAGGCAA TGACTGGAAC	EcoK12
ATGAACG TACTAGGCAA TGACTGGAAC	E.co.I-II	
ATGAACG TATTGGGCAA TGACTGGAAC	S.ty.	
ATGAACG TATTGGGCAA TGACTGGAAC	K.bn.I-III	
ATGAACG TATTGGGCAA TGACTGGAAC	K.ox.I	
ATGAACG TATTGGGCAA TGACTGGAAC	K.ox.II	
.....AA TGACTGGAAT	E.cl.I	
.....AA TGACTGGAAT	E.cl.II	
ATGAACG TATTGGGCAA TGACTGGAAT	E.cl.III-IV	
ATGAACG TATTGGGCAA TGACTGGAAT	E.cl.V	
ATGAACG TATTGGGCAA TGACTGGAAC	E.aer.I	
ATGAACG TATTGGGCAA TGACTGGAAC	K.cryo.	
ATGAGTG TATTGGTAA CGACTGGAAT	S.ma.I	
ATGAGCG TATTGGTAA CGACTGGAAT	S.ma.II	
ATGAGCG TATTGGTAA CGACTGGAAT	S.ma.III	
ATGAGCG TATTGGTAA CGACTGGAAT	S.ma.IV	
ATGAGCG TATTGGTAA CGACTGGAAT	S.ma.V	
ATGAGCG TATTGGTAA CGACTGGAAT	S.ma.VI	
ATGAGTG TACTGGTAA CGACTGGAAT	S.ma.VII	
ATGAGCG TATTGGTAA CGACTGGAAT	S.ma.VIII	
ATGAACG TATTGGGCAA CGACTGGAAT	C.fr.I	
ATGAACG TATTGGGCAA CGACTGGAAT	C.fr.II	
ATGAACG TATTGGGCAA CGACTGGAAT	C.fr.III	
ATGAACG TATTGGGCAA CGACTGGAAT	C.fr.IV	
CTGAAGCCGG TTCACCGCCG CGTTCTGTAC GCGATGAGCG TATTGGTAA CGACTGGAAT	SMAR	
CTGAAGCCGG TACACCGTCG CGTACTTATAC GCCATGAACG TATTGGGCAA TGACTGGAAC	KOXY	
CTGAAACCCG TACACCGCCG CGTACTGTAT GCGATGAGCG TACTGGTAA CGACTGGAAC	ECAR	
TTAAAACCCG TTACACCGCCG CGTACTGTTC TCAATGGATC CGGAAGGCAA TACCGCCAAT	HINF	
CTGAAGCCGG TGCACCGCCG TGTGCTTTAT GCCATGAGCG AGCTGGCAA CGACTGGAAC	PAER	
TTGAAACCCG TGCACCGCCG TGTGCTGTTT GCCATGAGCG AACTGGTAA CGACTGGAAC	PSTU	
TTGAAACCCG TTCACCGCCG CGTTCTGTTT GCTATGAACG AGTTGGGAA CGACTGGAAC	ASAL	
CTAAAACCTG TACACCGCCG TGTTTATTC GCGATGGATG TATTAGGTAA TGATTGGAAT	VSAL	
GGCAA TGACTGGAAC	SFLE	
CTGAAAACCCG TTCACCGTCG CGTACTTTAC GCCATGAACG TATTGGGCAA CGACTGGAAT	CFR2	
CTCAAACCCG TACACCGTCG CGTACTTTAC GCCATGAACG TGTTGGCAA TGACTGGAAT	ESAK	
AACTGGAAC	MCAT	
TTGGGCAA TGACTGGAAT	ECLO	
CTAAAGCCGG TGCACCGGGCG CGTACTGTAC GCGATGCACG AGCTGAAAAA TAACTGGAAT	NGON	
TTAAAGCCTG TTCACTAGAAG AATTTTATAT GCTATGAAA ATGATGAGGC AAAAGTAGA	CJEJ	
CACAGAAG AATACTTTAT GCTATGAATG ATCTTGGCGT AGGAAGTAGA	CLAR	
TTAAAACCCG TTCACTCGTCG CATACTTTAT GCTATGAACG ATCTTGGCGT AGGTAGTCGC	CFET	
TTAAAGCCCG TGCATAGGCG TATTTTGTAT GCGATGCATG AATTAGGTCT TACTTCCAAA	HPYL	
TTAAAGCCTG TGCATCGCCG AATTATCTAT TCCATGTATG AAGCCGGTAA TCATGCTAGC	RPRO	
TTAAAGCCCG TCCACCGTCG AATCGTGTAC GCCATGTCAG AATTGGGTTT AAAATCAACC	CBUR	
CTGAAGCCGG TGCACCGCCG CATCCTCTAT GCGATGCACG AGACGGGGAA CACGCACGAC	RSPH	
CTGAAGCCGG TGCACCGGGCG CATCCTCTAC GGCATGTCCG AGCTCGGTAT CGACTGGAAC	RPHA	
CTGAAGCCGG TGCATCGCCG GATCATTAT GCCATGAGCG AGATGGGCCT CAGGCCAAT	RMEL	
CTGAAGCCGG TGCACCGCCG CATCATTAC GCCATGAGTG AAATGGGTAT TCGTCCCAAC	ATUM	

- 2/9 -

Figur 1-2

61	67	71					
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCCAT	EcoK12	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCCAT	E.co.I	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCCAT	E.co.II	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCCAC	S.ty.	
AAAGCCTATA	AAAAATCAGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCGCAC	K.pn.I	
AAAGCCTATA	AAAAATCAGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCGCAC	K.pn.II	
AAAGCCTATA	AAAAATCAGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCGCAC	K.pn.III	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCCAT	K.ox.I	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTTG	GGTGACGTCA	TCGGTAAATA	CCACCCCAT	K.ox.II	
AAAGCCTACA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCAT	E.cl.I	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCAT	E.cl.II	
AAAGCCTACA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCAT	E.cl.III	
AAAGCCTACA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCAT	E.cl.IV	
AAAGCCTACA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCCAT	E.cl.V	
AAAGCCTATA	AAAAATCAGC	CCGTGTCGTT	GGCGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCGCAT	E.aer.I	
AAAGCCTACA	AAAAATCAGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCCAT	K.cryo.	
AAACCATACA	AGAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGGGACGTGA	TCGGTAAATA	TCACCCGCAC	S.ma.I	
AAACCATACA	AGAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGGGATGTGA	TCGGTAAATA	TCACCCACAC	S.ma.II	
AAACCATACA	AGAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGGGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCCAT	S.ma.III	
AAACCATACA	AGAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGGGACGTAA	TCGGTAAATA	TCACCCGCAC	S.ma.IV	
AAACCATATA	AGAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGGGACGTAA	TCGGTAAATA	TCACCCGCAC	S.ma.V	
AAACCATACA	AAAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGGGACGTGA	TCGGTAAATA	TCACCCCAT	S.ma.VI	
AAACCATACA	AGAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGGGACGTAA	TCGGTAAATA	TCACCCACAC	S.ma.VII	
AAACCATACA	AGAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGGGACGTGA	TCGGTAAATA	TCACCCGCAC	S.ma.VIII	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCCAT	C.fr.I	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCCAT	C.fr.II	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCCAT	C.fr.III	
	TATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCCAC	C.fr.IV
AAACCATACA	AGAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGGGACGTGA	TCGGTAAATA	TCACCCGCAC	STYM	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCCAT	SMAR	
AAACCGTATA	AAAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGGGATGTCA	TCGGTAAATA	CCACCCACAC	KOXY	
AAAAAATACG	AAAAATCAGC	CCGTGTCGTC	GGTGATGTGA	TCGGTAAATA	CCACCCGCAT	ECAR	
AAGCCCTACA	AGAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGGGAACGTGA	TCGGTAAAGTA	CCACCCGCAC	HINF	
AAGCCGTACA	AGAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGTGACGTGA	TCGGTAAATA	CCACCCGCAC	PAER	
AAGCCCTATA	AAAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGTGACGTAA	TTGGTAAATA	CCACCCGCAC	PSTU	
AAACCATATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTC	GGCGACGTAA	TTGGTAAAGTA	TCACCCACAT	ASAL	
		GTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	TCACCCGCAT	VSAL	
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGCCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCCAT	ABAU	
				A	TCGGTAAATA	CCACCCCAT	SFLE
AAAGCCTATA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCACCCCAT	CFRE	
AAAGCCTACA	AAAAATCGGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCCAC	CFR2	
AAGCCCTACA	AGAAATCGGC	CCGTGTCGTC	GGCGACGTGA	TCGGTAAAGTA	CCACCCGCAC	ESAK	
AAAGCCTACA	AAAAATCTGC	CCGTGTCGTT	GGTGACGTAA	TCGGTAAATA	CCATCCCCAT	MCAT	
CCCGCCTACA	AAAAATCGGC	CCGTATCGTC	GGCGACGTCA	TCGGTAAATA	CCACCCGCAC	ECLO	
ACAGATTTG	TCAAATCAGC	CCGTATAGTG	GGTGCTGTTA	TAGGTCGTTA	TCACCCACAT	NGON	
AGTGCATATA	AAAAATCTGC	TCGTATAGTA	GGGGATGTTA	TCGGTAAGTA	TCATCCACAT	CJEJ	
AGCCCATATA	AAAAGCTCGC	TCGTATAGTA	GGTGATGTTA	TCGGTAAGTA	TCACCCGCAC	CLAR	
GTGCGCTATA	AAAAAAGCGC	TAGGATCGTG	GGTGATGTTA	TTGGTAAATA	CCACCCGCAC	CFET	
AAACCTTATA	AAAAATCTGC	ACGAATAGTT	GGTGACGTGA	TGGGTAATA	TCATCCCAT	HPYL	
GCTAAGTATA	AGAAAATCAGC	GGGGACGGTA	GGCGACGTTT	TGGGTAATA	CCATCCGCAC	RPRO	
AAGCCCTACC	GCAAGTCGGC	GGGCCCGGGT	GGCGACACGA	TGGGAAATA	CCACCCGCAC	CBUR	
AAAAAATACG	TCAAATCGGC	CCGCGTCACC	GGCGACGTGA	TGGGTAATA	TCATCCGCAC	RSPH	
TCCTCGTTCA	AGAAAATCGGC	CCGTATCGTC	GGCGACGTCA	TCGGTAAGTT	CCACCCGCAT	RPHA	
TCGGCCTTCA	AGAAAATCGGC	GGGTATCGTC	GGCGATGTGA	TCGGTAAGTT	CCACCCGCAT	RMEL	
						ATUM	

- 3/9 -

Figur 1-3

81	83	87	91	
GGTGACTCGG	CGGTCTATGA	CACGATTGTC	CGCATGGCGC	AGCCATTCTC GCTGC GTTAT EcoK12
GGTGACTCGG	CGGTTTATGA	CACGATCGTC	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC GCTGC GTTAC E.co.I
GGTGACTCGG	CGGTCTATGA	CACGATCGTC	CGCATGGCGC	AGCCATTCTC GCTGC GTTAT E.co.II
GGCGATTCCG	CAGTGTATGA	CACCATCGTT	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC GCTGC GTTAC S.tym.
GGCGACTCCG	CGGTATACCA	CACCATCGTG	CGTATGGCGC	AGCCGTTCTC GCTGC GTTAC K.bn.I
GGCGACTCCG	CGGTATACCA	CACCATCGTC	CGTATGGCGC	AGCCGTTCTC GCTGC GTTAC K.bn.II
GGCGACTCCG	CGGTATACCA	CACCATCGTT	CGTATGGCGC	AGCCGTTCTC GCTGC GTTAC K.bn.III
GGTGACTACTG	CCGTGTATGA	CACCATGTA	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC CCTGC GTTAC K.ox.I
GGTGACTACTG	CCGTATACCA	CACCATGTA	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC CCTGC GTTAC K.ox.II
GGTGATTCCG	CGGTGTACCA	CACCATGTC	CGTATGGCGC	AGCCTTCTC GCTGC GTTAC E.cl.I-II
GGTGATTCCG	CGGTGTACCA	CACCATCGTT	CGTATGGCGC	AGCCTTCTC GCTGC GTTAC E.cl.III
GGTGATTCCG	CGGTGTACCA	CACCATGTC	CGTATGGCGC	AGCCNTCTC GCTGC GTTAC E.cl.IV
GGTGATTCTG	CGGTGTATGA	CACCATGTA	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC CCTGC GTTAT E.cl.V
GGTGATACCG	CGGTTTATGA	CACCATCGTA	CGTATGGCGC	AGCCGTTCTC CCTGC GTTAT E.aer.I
GGTGATACCG	CGGTTTATGA	CACCATCGTA	CGTATGGCGC	AGCCGTTCTC TTTGC GTTAT E.aer.II
GGTGATACCG	CGGTGTACCA	CACCATCGTA	CGTATGGCGC	AGCCNTCTC GCTGC GTTAC K.cryo.
GGTGACAGCG	CGGTTTACCA	CACTATCGTG	CGTATGGCTC	AGCCGTTTTC ACTGC GCTAC S.ma.I
GGTGACAGCG	CGGTTTACCA	CACTATCGTG	CGTATGGCTC	AGCCGTTTTC ACTGC GCTAC S.ma.II
GGTGACAGCG	CGGTGTACCA	CACGATCGTG	CGTATGGCGC	AGCCXTTCTC XTC GCTGC GTTAC S.ma.III
GGTGACAGCG	CGGTTTACCA	CACTATCGTG	CGTATGGCTC	AGCCGTTTTC ACTGC GCTAC S.ma.IV
GGTGACAGCG	CGGTTTACCA	CACTATCGTG	CGTATGGCTC	AGCCGTTTTC ACTGC GCTAC S.ma.V
GGTGACAGCG	CCGXTTACCA	CACTATCGTX	CGTATGGCTC	AGCCGTTTTC ACTGC GCTAC S.ma.VI
GGTGACAGCG	CGGTTTACCA	CACTATCGTG	CGTATGGCCC	AGCCGTTTTC ACTGC GCTAC S.ma.VII
GGTGACAGCG	CGGTTTACCA	CACTATCGTG	CGTATGGCTC	AGCCGTTTTC ACTGC GCTAC S.ma.VIII
GGTGATACCG	CGGTTTACCA	CACCATGTT	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC CCTGC GTTAC C.fr.I
GGTGATACCG	CTGTTTACCA	CACCATGTT	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC CCTGC GTTAC C.fr.II
GGTGATACCG	CCGTTTACCA	CACCATGTT	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC CCTGC GCTAT C.fr.III
GGTGACTACTG	CGGTTTACCA	CACCATGTT	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC CCTGC GTTAC C.fr.IV
GGCGATTCCG	CAGTGTATGA	CACCATCGTT	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC GCTGC GTTAC STYM
GGTGACAGCG	CGGTTTACCA	CACTATCGTG	CGTATGGCTC	AGCCGTTTTC ACTGC GCTAC SMAR
GGTGACTACTG	CGGTGTATGA	CACCATGTA	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC CCTGC GTTAC KOXY
GGCGACTCTG	CGGTTTATGA	AACCATCGTA	CGTATGGCGC	AGCCTTCTC ACTGC GCTAC ECAR
GGTGACTTAG	CCGTGTACTA	TACCATCGTT	CGTATGGCAC	AACCATCTC ACTTC GCTAT
GGCGACACCG	CGGTCTACCA	CACCATCGTG	CGCATGGCGC	AGCCGTTCTC GCTGC GCTAC HINF
GGCGACTCGG	CGGTTTACCA	CACCATCGTC	CGCATGGCCC	AGCCATTCTC GCTGC GTTAC PAER
GGCGACAGTG	CCGTGTATGA	CACCATGTC	CGCTTGGCGC	AGGATTCTC CATGC GTTAC PSTU
GGTGATAGTG	CTGTATACCA	CACGATAGTA	CGTATTGCGC	AGCCGTTCTC ACTAC GCTAT
GGTGACTCTG	CTGTTTATGA	AACCATGTT	CGTATGGCTC	AAGACTTTAG CCTAC GTTAT
GGTGACTCGG	CGGTTTATGA	CACGATCGTC	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC GCTGC GTTAC SFLE
GGTGATACCG	CGGTTTACCA	CACCATGTT	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC CCTGC GTTAC CFRE
GGTGATACCG	CGGTTTACCA	CACCATGTT	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC CCTGC GTTAC CFR2
GGTGATTCCG	CGGTGTACCA	TACCATGTA	CGTATGGCTC	AGCCGTTCTC GCTGC GCTAT ESAK
GGCGACATCG	CGGTCTACCA	CACCATCGTG	CGCATGGCGC	AGCCGTTCTC GCTGC GCTAC MCAT
GGTGATTCCG	CGGTGTACCA	CACCATCGTG	CGTATGGCGC	AGCCATTCTC GCTGC GTTAC ECLO
GGCGATTCCG	CAGTTTACCA	CACCATCGTC	CGTATGGCGC	AAAATTGCG TATGC GTTAT NGON
GGAGATACAG	CAGTTTATGA	TGCTTTGGTT	AGAATGGCTC	AAGATTTC TATGAGATAT
GGCGATACTG	CTGTTTACCA	TGCTTAGTA	AGAATGGCAC	AAGATTTC TATGC GTTAT
GGCGATACTG	CGGTATATGA	CGCTTAGTT	AGAATGGCTC	AGAACCTTT TATGAGAGTT
GGCGATAACG	CGGTTTATGA	TGCACTAGTG	AGAATGGCGC	AAGATTTC CATGC GCTTG
GGTGATAGTG	CTATTTATGA	CTCGTTAGTA	CGTATGGCTC	AAGATTTC TTTGC GCTTA
GGAGACACCG	CCTGTTACCA	GGCATGGTA	TTGATGGCCC	AACCTTTTC ATTTC GCTAT
GGCGATGGCG	CGATCTATGA	CGCGCTGGTG	CGGATGGCGC	AGCCCTTCTC GATGGGGCTG
GGCAATGCCG	CGATCTATGA	TGCGCTCGCC	CGCATGGCGC	AGCCCTGGTC GCTGC GGGCTG
GGCGACCAGT	CGGTCTATGA	CGCGCTGGTA	CGCCTCGCGC	AGGACTTCTC CCAGCGCTAT
GGCGACCAGT	CGGTCTATGA	TGCGCTGGTG	CGTCTCGCGC	AGGATTTC GCAGCGTTAT
				ATUM

- 4/9 -

Figur 1-4

- 5/9 -

Figur 2

403

<u>Leu</u>	<u>Pro</u>	<u>Gly</u>	<u>Lys</u>	<u>Leu</u>	<u>Ala</u>	<u>Asp</u>	<u>Cys</u>	<u>E.coli</u>
CTG	CCG	GGC	AAA	CTG	GCA	GAC	TGC	E.coli
CTG	CCG	GGC	AAA	CTG	GCG	GAC	TGT	S.tym.
CTG	CCG	GGC	AAA	CTG	GCG	GAC	TGT	C.fre.
CTG	CCG	GGC	AAG	CTG	GCG	GAC	TGT	C.spp.
CTC	CCA	GGG	AAA	CTA	GCA	GAC	TGT	Bac.spp
CTG	CCC	GGC	AAA	CTC	GCC	GAC	TGC	N.gon.
CTT	CCA	GGT	AAA	TTA	GCC	GAT	TGC	S.aur.
TTG	CCC	GGC	AAG	CTG	GCC	GAT	TGC	M.tub.

411

<u>Gln</u>	<u>Glu</u>	<u>Arg</u>	<u>Asp</u>	<u>Pro</u>	<u>Ala</u>	<u>Leu</u>	<u>Ser</u>	<u>Glu</u>	<u>Leu</u>	<u>E.coli</u>
CAG	GAA	CGC	GAT	CCG	GCG	CTT	TCC	GAA	CTG	E.coli
CAG	GAA	CGC	GAC	CCG	GCG	CTG	TCC	GAA	CTG	S.tym.
CAG	GAA	CGC	GAC	CCG	GCT	CAT	TCT	GAA	CTG	C.fre.
CAG	GAA	CGC	GAC	CCG	GCG	CTG	TCC	GAA	CTG	C.spp.
<u>TCG</u>	<u>TCA</u>	<u>CGC</u>	<u>GAC</u>	<u>GCT</u>	<u>TCG</u>	ATT	AGT	GAG	ATT	Bac.spp
CAG	GAA	<u>AAA</u>	GAC	CCT	GCC	CTG	TCT	GAA	CTC	N.gon.
<u>TCT</u>	<u>AGT</u>	<u>AAA</u>	<u>AGT</u>	CCT	<u>GAA</u>	<u>GAA</u>	<u>TGT</u>	GAG	ATT	S.aur.
<u>CGT</u>	<u>TCC</u>	<u>ACG</u>	GAT	CCG	<u>CGC</u>	<u>AAG</u>	TCC	GAA	CTG	M.tub.

421

<u>Tyr</u>	<u>Leu</u>	<u>Val</u>	<u>Glu</u>	<u>Gly</u>	<u>Asp</u>	<u>Ser</u>	<u>Ala</u>	<u>Gly</u>	<u>Gly</u>	<u>E.coli</u>
TAC	CTG	GTG	GAA	GGG	GAC	TCC	GCG	GGC	GGC	E.coli
TAC	CTG	GTG	GAA	GGG	GAC	TCC	GCG	GGC	GGC	S.tym.
TAC	CTG	GTG	GAA	GGG	GAC	TCA	GCG	GGC	GGT	C.fre.
TAC	CTT	GTG	GAA	GGG	GAC	TCC	GCG	GGC	GGT	C.spp.
TAC	<u>ATT</u>	GTG	GAG	GGG	GAC	TCT	GCT	GGC	GGA	Bac.spp
TAC	CTC	GTC	GAG	GGC	<u>AAC</u>	TCC	GCA	GGC	GGT	N.gon.
<u>TTC</u>	TTA	GTC	GAA	GGG	GAC	TCT	GCC	GGG	GGG	S.aur.
TAT	<u>GTC</u>	GTA	GAA	GGT	GAC	TCG	GCC	GGC	GGT	M.tub.

<u>Ser</u>	<u>Ala</u>	<u>Lys</u>	<u>Gln</u>	<u>Gly</u>	<u>Arg</u>	<u>Asn</u>	<u>Arg</u>	<u>Lys</u>	<u>Asn</u>	<u>E.coli</u>
TCT	GCG	AAG	CAG	GGG	CGT	AAC	CCG	AAG	AAC	E.coli
TCT	GCG	AAG	CAG	GGG	CGT	AAC	CGC	AAG	AAC	S.tym.
<u>TTT</u>	GCG	AAG	CAG	GGG	CGT	AAC	CGT	AAG	AAC	C.fre.
<u>TTT</u>	GCG	AAG	CAG	GGG	CGT	AAC	CGT	AAA	AAC	C.spp.
TCG	GCC	AAA	CAA	GGC	CGT	<u>GAT</u>	CGG	<u>CAT</u>	<u>TTC</u>	Bac.spp
TCC	GCC	<u>ATG</u>	CAG	GGC	CGC	<u>GAC</u>	CGC	AAA	TTC	N.gon.
TCT	<u>ACA</u>	AAA	<u>TCT</u>	GGT	CGT	<u>GAC</u>	<u>TCT</u>	<u>AGA</u>	<u>ACG</u>	S.aur.
TCT	GCA	AAA	<u>AGC</u>	GGT	CGC	<u>GAT</u>	TCG	<u>ATG</u>	<u>TTC</u>	M.tub.

441

<u>Gln</u>	<u>Ala</u>	<u>Ile</u>	<u>Leu</u>	<u>Pro</u>	<u>Leu</u>	<u>Lys</u>	<u>Gly</u>	<u>Lys</u>	<u>Ile</u>	<u>Leu</u>	<u>Asn</u>	<u>Val</u>	<u>E.coli</u>
CAG	GCG	ATT	CTG	CCG	CTG	AAG	GGT	AAA	ATC	CTC	AAC	GTC	E.coli
CAG	GCG	ATT	CTG	CCG	CTG	AAG	GGT	AAA	ATC	CTT	AAC	GTC	S.tym.
CAG	GCG	ATT	CTG	CCG	CTC	AAG	GGT	AAA	ATT	CTT	AAC	GTT	C.fre.
CAG	GCG	ATT	CTG	CCG	CTG	AAG	GGT	AAA	ATC	CTC	AAC	GTC	C.spp.
CAA	GCG	ATT	CTC	CCA	<u>TTG</u>	<u>CGC</u>	GGG	AAA	ATC	TTA	AAT	GTA	Bac.spp
CAA	GCG	ATT	TTG	CCG	CTC	AAA	GGT	AAA	ATT	TTG	AAC	GTC	N.gon.
CAG	GCG	ATT	TTA	CCA	TTA	<u>CGA</u>	GGT	AAG	ATA	TTA	AAT	GTT	S.aur.
CAG	GCG	ATA	CTT	CCG	CTG	<u>CGC</u>	GGC	AAG	ATC	<u>ATC</u>	AAT	GTG	M.tub.

451

- 6/9 -

Figur 3-1

64

Lys	Ser	Ala	Arg	Thr	Val	Gly	Asp	Val	Leu	E.coli
AAA	TCG	GCC	CGT	ACC	GTC	GGT	GAC	GTA	CTG	E.co.K12
AAA	TCG	GCC	CGT	ACC	GTC	GGT	GAC	GTA	CTG	E.co.
AAA	TCC	GCG	CGT	ACC	GTT	GGT	GAC	GTA	CTG	S.tym.
AAA	TCG	GCC	CGT	ACC	GTC	GGT	GAC	GTA	CTG	S.fle.
AAA	TCC	GCG	CGT	ACC	GTC	GGC	GAC	GTG	CTG	E.sak.
AAA	TCC	GCG	CGT	ACC	GTC	GGT	GAC	GTA	CTG	C.fr.
AAG	TCC	GCG	CGC	ACC	GTC	GGC	GAC	GTG	TTG	K.pn.
AAA	TCC	GCG	CGT	ACC	GTC	GGT	GAC	GTA	CTG	E.cl.
AAG	TCC	GCG	CGC	ACC	GTC	GGC	GAC	GTG	CTG	K.ox.
AAG	TCC	GCG	CGC	ACC	GTG	GGC	GAC	GTG	TTG	S.ma.
AAA	TCA	GCG	CGT	<u>GCT</u>	GTT	GGG	<u>GAG</u>	<u>ATC</u>	<u>ATG</u>	M.gen.
AAA	TCT	GCT	CGT	ACC	GTC	GGT	GAT	GTA	CTC	H.inf.
AAG	TCG	GCG	CGC	ACC	GTC	GGC	GAC	GTG	CTC	P.aer.
AAA	TCA	GCG	CGT	ACA	GTG	GGT	GAT	GTA	CTT	A.ba.
AAA	TCG	GCG	CGC	<u>GTG</u>	GTC	GGC	<u>GAG</u>	<u>ATT</u>	TTG	N.go.
AAA	AGT	GCG	<u>AAA</u>	ACA	GTC	GGT	GAT	GTT	<u>ATT</u>	S.au.
AAG	TCG	GGG	<u>AAG</u>	<u>TCA</u>	GTC	GGG	<u>AAC</u>	<u>ATC</u>	<u>ATG</u>	S.pn.
AAA	GCG	GGG	<u>AAA</u>	ACG	GTC	GGT	<u>AAC</u>	<u>GTC</u>	<u>ATC</u>	B.sub.

72

78

80

Gly	Lys	Tyr	His	Pro	His	Gly	Asp	Ser	Ala	E.coli
GGT	AAA	TAC	CAT	CCG	CAC	GGT	GAT	AGG	GCC	E.co.K12
GGT	AAA	TAC	CAT	CCG	CAC	GGG	GAT	AGT	GCC	E.co.
GGT	AAG	TAT	CAC	CCG	CAT	GGG	GAC	AGG	GCC	S.tym.
GGT	AAA	TAC	CAT	CCG	CAC	GGG	GAT	AGG	GCC	S.fle.
GGT	AAA	TAC	CAT	CCG	CAC	GGG	GAC	AGG	GCC	E.sak.
GGT	AAA	TAC	CAC	CCA	CAC	GGG	GAC	AGG	GCA	C.fr.
GGT	AAA	TAT	CAC	CCG	CAC	GGG	GAC	AGG	GCC	K.pn.
GGT	AAA	TAT	CAT	CCG	CAC	GGG	GAC	AGG	GCC	E.cl.
GGT	AAA	TAC	CAT	CCC	CAC	GGG	GAC	AGG	GCG	K.ox.
GGT	AAA	TAT	CAC	CCG	CAC	GGG	GAC	AGG	GCG	S.ma.
GGG	AAA	TAC	CAC	CCC	CAT	GGT	GAT	AGT	TCC	M.gen.
GGT	AAA	<u>TTC</u>	CAT	CCA	CAT	GGT	GAC	AGT	GCT	H.inf.
GGC	AAG	<u>TTC</u>	CAC	CCG	CAC	GGG	GAC	TGG	GCC	P.aer.
GGT	AAA	TAC	CAC	CCA	CAT	GGT	GAC	TGG	GCA	A.ba.
GGT	AAA	TAC	CAT	CCG	CAC	GGG	GAC	AGT	TCC	N.go.
GGT	<u>CAA</u>	TAT	CAT	CCA	CAT	GGG	GAC	TGG	TCA	S.au.
GGG	AAT	<u>TTC</u>	CAC	CCA	CAC	GGG	GAT	TGT	TCT	S.pn.
GGT	AAC	TAT	CAT	CCG	CAC	GGT	GAC	AGG	TCG	B.sub.

- 7/9 -

Figur 3-2

84

<u>Cys</u>	<u>Tyr</u>	<u>Glu</u>	<u>Ala</u>	<u>Met</u>	<u>Val</u>	<u>Leu</u>	<u>Met</u>	<u>Ala</u>	<u>Glu</u>	<i>E.coli</i>
TGT	TAT	GAA	GCG	ATG	GTC	CTG	ATG	GCG	CAA	E.co.K12
TGT	TAT	GAA	GCG	ATG	GTC	CTG	ATG	GCG	CAG	E.co.
TGC	TAT	GAA	GCC	ATG	GTG	CTG	ATG	GCG	CAG	S.tym.
TGT	TAT	GAA	CCG	ATG	GTC	CTG	ATG	GCG	CAG	S.fle.
TGC	TAT	GAA	GCG	ATG	GTG	CTG	ATG	GCC	CAG	E.sak.
TGT	TAT	GAA	GCG	ATG	GTG	CTG	ATG	GCG	CAG	C.fr.
TGC	TAT	GAA	GCG	ATG	GTG	CTG	ATG	GCG	CAG	K.pn.
TGC	TAT	GAA	GCG	ATG	GTG	CTG	ATG	GCG	CAG	E.cl.
TGC	TAT	GAA	GCC	ATG	GTG	CTG	ATG	GCT	CAG	K.ox.
TGT	TAT	GAA	GCC	ATG	GTG	CTG	ATG	GCG	CAG	S.ma.
<u>ATT</u>	TAT	<u>GAT</u>	GCA	<u>ATT</u>	<u>ATC</u>	<u>AGA</u>	ATG	<u>TCC</u>	CAA	M.gen.
TGT	TAT	GAA	GCT	ATG	GTG	TTA	ATG	GCA	CAA	H.inf.
TGC	TAC	GAG	GCC	ATG	GTG	CTG	ATG	GCG	CAG	P.aer.
TGT	TAT	GAA	GCC	ATG	GTA	CTC	ATG	GCT	CAG	A.ba.
GCC	TAT	GAG	GCG	ATG	GTG	CGC	ATG	GCT	CAG	N.go.
GTG	TAC	GAA	GCA	ATG	GTC	CGT	TTA	<u>AGT</u>	CAA	S.au.
ATC	TAT	<u>GAT</u>	GCC	ATG	GTT	<u>CGT</u>	<u>ATG</u>	<u>TCA</u>	CAG	S.bn.
GTT	TAT	<u>GAA</u>	GCA	ATG	GTG	<u>CGG</u>	ATG	<u>AGC</u>	CAG	B.sub.

92

<u>Pro</u>	<u>Phe</u>	<u>Ser</u>	<u>Tyr</u>	<u>Arg</u>	<u>Tyr</u>	<u>Pro</u>	<u>Leu</u>	<u>Val</u>	<u>Asp</u>	<i>E.coli</i>
CCG	TTC	TCT	TAC	CGT	TAT	CCG	CTG	GTT	GAT	E.co.K12
CCG	TTC	TCT	TAC	CGT	TAT	CCG	CTG	GTT	GAT	E.co.
CCG	TTC	TCT	TAC	CGT	TAC	CCG	CTG	GTC	GAT	S.tym.
CCG	TTC	TCT	TAC	CGT	TAT	CCG	CTG	GTT	GAT	S.fle.
CCG	TTC	TCT	TAT	CGC	TAT	CCG	CTG	GTG	GAT	E.sak.
CCG	TTC	TCT	TAC	CGC	TAT	CCG	CTG	GTT	GAC	C.fr.
CCG	TTC	TCT	TAC	CGC	TAT	CCG	CTG	GTG	GAT	K.pn.
CCG	TTC	TCT	E.cl.
CCC	TTC	TCC	TAC	CGC	TAT	CCG	CTG	GTT	GAC	K.ox.
CCG	TTC	TCG	TAT	CGC	TAT	CCG	CTG	GTG	GAC	S.ma.
...	M.gen.
CCC	TTC	TCT	TAT	CGT	TAT	CCA	CTT	GTA	GAT	H.inf.
CCG	TTC	TCC	TAT	CGC	TAT	CCG	CTG	GTG	GAC	P.aer.
CCA	TTT	AGT	TAC	CGC	TAT	CCT	TTA	<u>ATC</u>	<u>GAA</u>	A.ba.
GAT	TTT	<u>ACC</u>	<u>TTG</u>	CGC	TAT	CCC	TTA	<u>ATC</u>	GAC	N.go.
GAC	TGG	<u>AAG</u>	<u>TTA</u>	CGA	<u>CAT</u>	GTC	TTA	<u>ATA</u>	<u>GAA</u>	S.au.
AAC	TGG	<u>AAA</u>	<u>AAT</u>	CGT	<u>GAG</u>	ATT	CTA	GTT	<u>GAA</u>	S.bn.
GAT	TGG	<u>AAA</u>	<u>GTT</u>	CGT	<u>AAT</u>	GTG	TTA	<u>ATC</u>	<u>GAA</u>	B.sub.

- 8/9 -

Figur 3-3

103

<i>Gly</i>	<i>Gln</i>	<i>Gly</i>	<i>Asn</i>	<i>Trp</i>	<i>Gly</i>	<i>Ala</i>	<i>Pro</i>	<i>Asp</i>	<i>Asp</i>	<i>E. coli</i>
GGT	CAG	GGG	AAC	TGG	GGC	GCG	CCG	GAC	GAT	E.co.K12
GGT	CAG	GGG	AAC	TGG	GGC	GCG	CCG	GAC	GAT	E.co.
GGC	CAG	GGG	AAC	TGG	GGC	GCG	CCG	GAT	GAT	S.tym.
GGT	CAG	GGG	AAC	TGG	GGC	GCG	CCG	GAC	GAT	S.fle.
GGC	CAG	GGG	AAC	TGG	GGG	GCG	CCG	GAC	GAT	E.sak.
GGG	CAG	GGG	AAC	TGG	GGG	GCG	CCG	GAC	GAT	C.fr.
GGT	CAG	GGG	AAC	TGG	GGG	GCG	CCG	K.bn.
...	E.cl.
...	K.ox.
...	M.gen.
GGC	CAG	GGG	AAC	TGG	GGT	GCG	CCG	GAC	GAT	S.ma.
GGT	CAA	GGT	AAC	TGG	GGG	GCA	CCA	GAT	GAT	H.inf.
GGC	CAG	GGC	AAC	TGG	GGG	GCT	CCG	GAC	GAT	P.aer.
GGT	CAG	GGG	AAC	TGG	GGT	<u>TCA</u>	CCT	GAT	GAT	A.ba.
GGC	<u>ATC</u>	GGC	AAC	<u>TTC</u>	GGT	<u>TCG</u>	<u>CGC</u>	GAC	<u>GGC</u>	N.go.
ATG	<u>GAT</u>	GGT	AAT	<u>AAT</u>	GGT	<u>AGT</u>	<u>ATC</u>	GAT	<u>AAT</u>	S.au.
ATG	GAC	GGT	AAT	<u>AAC</u>	GGT	<u>TCT</u>	<u>ATG</u>	GAC	<u>GGA</u>	S.bn.
ATG	<u>GAT</u>	GGA	AAC	<u>AAT</u>	GGA	<u>AGC</u>	<u>ATC</u>	GAC	<u>GGA</u>	B.sub.

- 9/9 -

Figur 4

									420	<i>E.coli</i>
<u>Glu</u>	<u>Leu</u>	<u>Phe</u>	<u>Leu</u>	<u>Val</u>	<u>Glu</u>	<u>Gly</u>	<u>Asp</u>			<i>E.coli</i>
GAG	CTG	TTC	CTT	GTG	GAA	GGT	GAC			<i>E.coli</i>
GAG	CTG	TTC	CTT	GTG	GAA	GGG	GAT			S.tym.
GAA	CTC	<u>TAT</u>	CTA	GTT	GAG	GGG	GAC			S.pne.
GAA	TTG	<u>TAT</u>	CTC	GTT	GAG	GGG	GAT			B.sub.
GAG	TTG	TTT	<u>ATT</u>	GTT	GAA	GGT	GAT			M.gen.
GAG	CTG	TTC	<u>ATC</u>	GTC	GAA	GGC	GAC			C.cre.
								430		
<u>Ser</u>	<u>Ala</u>	<u>Gly</u>	<u>Gly</u>	<u>Ser</u>	<u>Ala</u>	<u>Lys</u>	<u>Gln</u>	<u>Ala</u>	<u>Arg</u>	
TCC	GCA	GGC	GGA	TCT	GCC	AAAG	CAG	GCG	CGC	<i>E.coli</i>
TCG	GCG	GGC	GGT	TCC	GCC	AAG	CAG	GCG	CGC	S.tym.
TCT	GCC	GGT	GGT	TCT	GCC	AAA	CAA	<u>GGT</u>	CGT	S.pne.
TCA	GCA	GGC	GGG	TCA	GCC	AAG	CAG	<u>GGG</u>	CGA	B.sub.
AGT	GCT	GGT	GGC	<u>ACT</u>	GCT	AAA	<u>ATG</u>	<u>GGC</u>	CGT	M.gen.
AGC	GCC	GGC	GGC	TCG	GCC	AAG	CAG	GCC	CGC	C.cre.
								440		
<u>Asp</u>	<u>Arg</u>	<u>Glu</u>	<u>Tyr</u>	<u>Gln</u>	<u>Ala</u>	<u>Ile</u>	<u>Met</u>	<u>Pro</u>	<u>Leu</u>	
GAT	CGC	GAA	TAT	CAG	GCG	ATC	ATG	CCA	CTG	<i>E.coli</i>
GAT	CGC	GAA	TAT	CAG	GCG	ATC	ATG	CCG	CTC	S.tym.
GAC	CGC	<u>AAG</u>	<u>TTC</u>	CAG	GCT	ATT	<u>CTA</u>	CCT	CTT	S.pne.
GAC	CGC	<u>AGA</u>	<u>TTC</u>	CAG	GCG	<u>GTT</u>	<u>CTG</u>	CCT	TTA	B.sub.
GAT	AGA	<u>ATT</u>	<u>TTT</u>	CAA	GCT	ATC	<u>TTA</u>	CCT	TTG	M.gen.
GAC	CGC	<u>AAG</u>	TAC	CAG	GCC	ATC	<u>CTG</u>	CCC	CTG	C.cre.
								447		
<u>Lys</u>	<u>Gly</u>	<u>Lys</u>	<u>Ile</u>	<u>Leu</u>	<u>Asn</u>	<u>Thr</u>				
AAA	GGT	AAG	ATC	CTT	AAC	ACC				<i>E.coli</i>
AAA	GGT	AAG	ATC	CTT	AAC	ACC				S.tym.
<u>CGT</u>	GGT	AAG	<u>GTT</u>	<u>ATC</u>	AAT	ACA				S.pne.
<u>CGC</u>	GGT	AAA	<u>GTC</u>	<u>ATT</u>	AAT	ACA				B.sub.
<u>CGC</u>	GGC	AAG	<u>GTG</u>	<u>TTA</u>	AAT	<u>GTT</u>				M.gen.
<u>CGC</u>	GGC	AAG	ATC	CTC	AAC	<u>GTG</u>				C.cre.

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Merlin Ges. für mikrobiologische Diagnostika mbH

<120> Verfahren zur genotypischen Klassifizierung

<130> 99116340.3

<140> 99116340.3

<141> 1999-08-19

<160> 103

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 213

<212> DNA

<213> Escherichia coli

<220>

<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, EcoK12

<300>

<400> 1

ctgaagccgg tacaccgtcg cgtactttac gccatgaacg tactaggcaa tgactggaac 60
aaagcctata aaaaatctgc ccgtgtcggtt ggtgacgtaa tcggtaataa ccatccccat 120
ggtgactcgg cggtctatga cacgattgtc cgcatggcgc agccattctc gctgcgttat 180
atgctggtag acggtcaggg taacttcggc tct 213

<210> 2

<211> 213

<212> DNA

<213> Aeromonas salmonicida

<220>

<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, ASAL

<400> 2

ttgaaaccgg ttcaccggccg cgttctgttt gctatgaacg agttgggaa cgactggaac 60
aaggcctata aaaaatcggc ccgtgtggtc ggtgacgtaa ttggtaataa ccacccgac 120
ggcgacagtg ccgtgtatga caccattgtc cgcttggcgc aggatttctc catgcgttac 180
atgctggtag atggtcaggg caacttcggc tcg 213

<210> 3

<211> 213

<212> DNA

<213> Agrobacterium tumefaciens

<220>

<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, ATUM

<400> 3

ctgaagccgg tgcaccggccg catcattcac gccatgagtg aaatgggtat tcgtcccaac 60
tcggcctca agaaatgcgc gcgtatcgac ggcgatgtga tcggtaagtt ccacccgcat 120
ggcgaccagt ccgtctatga tgcgttgggt cgtctcgccg aggatttctc gcagcggttat 180
ccgattgtcg acgggcaggg caacttcggc aac 213

- 2 -

<210> 4
<211> 213
<212> DNA
<213> *Coxiella burnetii*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, CBUR

<400> 4
ttaaagcccg tccagcgctcg aatcggtgtac gccatgttag aattgggttt aaaatcaacc 60
gctaaagtata agaaatcagc gcggacggta ggcgacgtt tggtaaaatt ccatccgcac 120
ggagacacccg cctgttacga ggccatggta ttgatggccc aaccttttc atttcgctat 180
ccctttgtcg atggcaagg caattggggg agc 213

<210> 5
<211> 213
<212> DNA
<213> *Campylobacter fetus*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, CFET

<400> 5
ttaaaaccgg ttcatcgctcg catactttat gctatgaacg atcttggcgt aggttagtcgc 60
agcccatata aaaagtctgc tcgtatagta ggtgatgtt tcggttaagta tcacccgcac 120
ggcgataactg cggtatatacg cgccttagtt agaatggctc agaacttttc tatgagagtt 180
cctgcagtag atggtaaagg aaactttggc tca 213

<210> 6
<211> 180
<212> DNA
<213> *Citrobacter freundii*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, C.fr.I

<400> 6
atgaacgtat tggcaacga ctggataaaa gcctataaaa aatctgcccgt tgtcgttgg 60
gacgtaatcg gtaaatacca ccctcatggt gataccggccg tttacgacac cattgttcgt 120
atggcgcagc cattctccct gcgttacatg ctggtagatg gtcaggtaa ctttgggtct 180

<210> 7
<211> 213
<212> DNA
<213> *Citrobacter freundii*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, CFR2

<400> 7
ctgaaaccgg ttcaccgtcg cgtaactttac gccatgaacg tattgggaa cgactggaaat 60
aaaggctata aaaaatctgc ccgtgtcggt ggtgacgtaa tcggtaaaata ccaccctcat 120
ggtgataccg ccgtttacga caccattgtt cgtatggcgc agccattctc cttgcgttac 180
atgctggtag atggcaggg taactttgtt tct 213

<210> 8
<211> 180
<212> DNA

- 3 -

<213> *Citrobacter freundii*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, C.fr.III

<400> 8

atgaacgtat tggcaacga ctggataaaa gcctataaaa aatctgccc 60
gacgtaatcg gtaaatacca ccctcatggt gataccgccc tttacgacac cattgttcgt 120
atggcgacgc cattctccct ggcgtatatg ctggtagatg gtcagggtaa ctttggttct 180

<210> 9

<211> 180

<212> DNA

<213> *Citrobacter freundii*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, C.fr.IV

<400> 9

atgaacgtat tggcaacga ctggataaaa gcctataaaa aatctgccc 60
gacgtaatcg gtaaatacca ccctcatggt gatactgccc tttacgacac cattgttcgt 120
atggcgacgc cattctccct ggcgtatatg ctggtagatg gtcagggtaa ctttggttct 180

<210> 10

<211> 114

<212> DNA

<213> *Citrobacter freundii*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, CFRE

<400> 10

atcggttaat accaccctca tgggataacc gccgtttacg acaccattgt tcgtatggcg 60
cagccattct ccttgttta catgtggta gatggtcagg gtaactttgg ttct 114

<210> 11

<211> 213

<212> DNA

<213> *Campylobacter jejuni*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, CJEJ

<400> 11

ttaaaggcctg ttcatagaag aattttat gctatgcaaa atgatgaggc aaaaagtaga 60
acagattttg tcaaattcagc ccgtatagtg ggtgctgtt taggtcgat tcacccacat 120
ggagatacag cagtttatga tgcttgggtt agaatggctc aagatttttc tatgagatat 180
ccaagtatttta caggacaagg caactttggta tct 213

<210> 12

<211> 201

<212> DNA

<213> *Campylobacter lari*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, CLAR

<400> 12

- 4 -

cacagaagaa tactttatgc tatgaatgat cttggcgtag gaagtagaaag tgcataaaaa 60
aaatctgctc gtatagtagg ggatgttac ggttaagtatc atccacatgg cgatactgct 120
gttacgatg ccttagtaag aatggcacaa gatttctcta tgcgttatcc aagtatcgat 180
ggacaaggaa actttggttc t 201

<210> 13
<211> 180
<212> DNA
<213> Enterobacter aerogenes

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, E.aer.I

<400> 13
atgaacgtat tgggaatga ctggAACAAA gcctataaaaa aatcagcccg tgcgttggc 60
gacgtaatcg gtaaaatcca cccgcatggt gataccgcgg tttatgacac catcgtaacgt 120
atggcgcagc cggttcctt gcgttatatg ctggcgtatg gccaggtaa ctttggttct 180

<210> 14
<211> 93
<212> DNA
<213> Enterobacter aerogenes

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, E.aer.II

<400> 14
ggtgataccg cggtttatga caccatcgta cgtatggcgc agccgttctc tttgcgttat 60
atgctggtcg atggccaggg taactttgt tct 93

<210> 15
<211> 213
<212> DNA
<213> Erwinia carotovora

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, ECAR

<400> 15
ctgaaaccgg tacaccggccg cgtactgtat gcgtatggcg tactggtaa cgactggAAC 60
aaaccgtata aaaaatccgc cctgtgtcgc ggggatgtca tcggtaataa ccacccacac 120
ggcactctg ccgttatga aaccatcgta cgtatggcgc agccgttctc actgcgttac 180
atgctggttg atggtcaggg caacttcggc tcg 213

<210> 16
<211> 165
<212> DNA
<213> Enterobacter cloacae

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, E.cl.I

<400> 16
aatgactgga ataaaggccta caaaaaatct gcccgtgtcg ttggtgacgt aatcggtaaa 60
taccatcctc atggtgatcc cgcgggtac gacaccattg tccgtatggc gcagccttcc 120
tcgctgcgtt acatgctggt agatggtcag ggttaactttg gttct 165

<210> 17

- 5 -

<211> 165
<212> DNA
<213> Enterobacter cloacae

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, E.cl.II

<400> 17
aatgactgga ataaaaggcta taaaaatct gcccgtgtcg ttgggtgacgt aatcggtaaa 60
taccatccctc atgggtgattc cgcgggtgtac gacaccatttgc tccgtatggc gcagcctttc 120
tcgctgcgtt acatgctgtt agatggtcag ggttaacttgg 165

<210> 18
<211> 180
<212> DNA
<213> Enterobacter cloacae

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, E.cl.III

<400> 18
atgaacgtat tgggcaatga ctggaaataaa gcctacaaaa aatctgccccg tgcgttgg 60
gacgtaatcg gtaaataccca tccccatggt gattccgcgg tgcgttgg 120
atggcgcagc ctttctcgat gcttacatg ctggtagatg gtcaggtaa ctttgg 180

<210> 19
<211> 180
<212> DNA
<213> Enterobacter cloacae

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, E.cl.IV

<400> 19
atgaacgtat tgggcaatga ctggaaataaa gcctacaaaa aatctgccccg tgcgttgg 60
gacgtaatcg gtaaataccca tccccatggt gattccgcgg tgcgttgg 120
atggcgcagc ctttctcgat gcttacatg ctggtagatg gtcaggtaa ctttgg 180

<210> 20
<211> 175
<212> DNA
<213> Enterobacter cloacae

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, E.cl.V

<400> 20
atgaacgtat tcggcaatga ctggaaataaa gcctacaaaa aatctgccccg tgcgttgg 60
gacgtaatcg gtaaataccca ccctcatggt gattctgcgg tgcgttgg 120
atggcgcagc ctttctcgat gcttacatg ctggtagatg gtcaggtaa ctttgg 175

<210> 21
<211> 169
<212> DNA
<213> Enterobacter cloacae

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, ECL0

- 6 -

<400> 21
ttgggcaatg actggaataa agcctacaaa aaatctgccc gtgtcggtgg tgacgtaatc 60
ggtaaatacc atccccatgg tgattccgcg gtgtacgaca ccategttcg tatggcgcag 120
ccttctcgc tgcgttacat gctggtagat ggtcagggtt aacttgggtt 169

<210> 22
<211> 180
<212> DNA
<213> Escherichia coli

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, E.co.II

<400> 22
atgaacgtac taggcaatga ctggaacaaa gcctataaaa aatctgcccgt tgtcgttgg 60
gacgtaatcg gttaaatacca tccccatggt gactcggcgg tctatgacac gategtccgc 120
atggcgcagc cattctcgct gcgttatatg ctggtagacg gtcagggtt cttcggttct 180

<210> 23
<211> 213
<212> DNA
<213> Enterobacter sakazakii

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, ESAK

<400> 23
ctcaaaccgg tacaccgtcg cgtactttac gccatgaacg tggggcaat tgactggaaat 60
aaagcctaca aaaaatccgc ccgtgtcggtt ggtgacgtaa tcgttaaata ccateccccac 120
ggtgattcccg ccgtctacga taccattgtt cgtatggctc agccgttctc gctgcgttat 180
atgctgggttgg atggtcagggtt caacttcgggtt 213

<210> 24
<211> 213
<212> DNA
<213> Haemophilus influenzae

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, HINF

<400> 24
ttaaaaccgg ttcaccggccg cgtactgttc tcaatggatc gcaaggcaat taccgccaat 60
aaaaaatacg taaaatcagc gcgtgttgg ggtgatgtt aatcgtaaata tcacccgcatt 120
ggtgacttag ccgtgtacta taccatcggtt cgtatggcac aaccattctc acttcgttat 180
atgttgggttgg atggcaagg taactttgggtt tca 213

<210> 25
<211> 213
<212> DNA
<213> Helicobacter pylori

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, HPYL

<400> 25
ttaaagcccg tgcataaggcg tattttgtat gcgatgcattt aatttaggtct tacttccaaa 60
gtcgcttata aaaaaagcgc taggatcggtt ggtgatgtt aatcgtaaata ccaccccat 120
ggcgataacg cggttatgtt tgcacttagtgc agaatggcgc aagatttttc catgcgttg 180

- 7 -

gaatttagtgg atgggcaggg caactttggc tct 213

<210> 26
<211> 180
<212> DNA
<213> *Kluyvera cryocrescens*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, *K.cryo*

<400> 26
atgaacgtat tgggcaatga ctggAACAAA gcctACAAAA aatcAGCCCCG tgcgtgggt 60
gacgtaatcg gtaaatacCA ccctcatggT gattccgcgg tgcgtacgt 120
atggcgcagc ctttcgcgt cgttacatg ctggtagatg gccaggtaa ctttgggtcc 180

<210> 27
<211> 180
<212> DNA
<213> *Klebsiella oxytoca*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, *K.ox.I*

<400> 27
atgaacgtat tgggcaatga ctggAACAAA gcctATAAAA aatctgCCCCG tgcgtgggt 60
gacgtaatcg gtaaatacCA ccctcatggT gatactgcgg tgcgtacgt 120
atggcgcagc catttcgcct cgttacatg ctggtagatg gccaggtaa ctttgggtct 180

<210> 28
<211> 180
<212> DNA
<213> *Klebsiella oxytoca*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, *K.ox.II*

<400> 28
atgaacgtat tgggcaatga ctggAACAAA gcctATAAAA aatctgCCCCG tgcgtgggt 60
gacgtaatcg gtaaatacCA ccctcatggT gatactgcgg tgcgtacgt 120
atggcgcagc catttcgcct cgttacatg ctggtagatg gccaggtaa ctttgggtct 180

<210> 29
<211> 213
<212> DNA
<213> *Klebsiella oxytoca*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, *KOXY*

<400> 29
ctgaaggccgg tacaccgtcg cgtactatac gccatgaacg tattgggcaa tgactggAAC 60
aaaggcctata aaaaatctgc ccgtgtcggt ggtgacgtca tcggtaaata ccaccctcat 120
ggtgataactg ccgtatacga caccattgtc cgtatggcgc agccattctc cctgcgttac 180
atgctggtag atggccaggg taactttggT tcg 213

<210> 30
<211> 180
<212> DNA

- 8 -

<213> Klebsiella pneumoniae

<220>

<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, K.pn.I

<400> 30

atgaacgtat tgggaatga ctggAACAAA gcctataAAA aatcAGCCCG tgcgttgg 60
gacgtaatcg gtaataacca cccgcacggc gactccggg tatacgacac catcgacgt 120
atggcgcagc cggtctcgct gcgttacatg ctggtgacg gcaaggtaa ctttggttcc 180

<210> 31

<211> 180

<212> DNA

<213> Klebsiella pneumoniae

<220>

<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, K.pn.II

<400> 31

atgaacgtat tgggaatga ctggAACAAA gcctataAAA aatcAGCCCG tgcgttgg 60
gacgtaatcg gtaataacca cccgcacggc gactccggg tatacgacac catcgacgt 120
atggcgcagc cggtctcgct gcgttacatg ctggtgacg gcaaggtaa ctttggttcc 180

<210> 32

<211> 180

<212> DNA

<213> Klebsiella pneumoniae

<220>

<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, K.pn.III

<400> 32

atgaacgtat tgggaatga ctggAACAAA gcctataAAA aatcAGCCCG tgcgttgg 60
gacgtaatcg gtaataacca cccgcacggc gactccggg tatacgacac catcgacgt 120
atggcgcagc cggtctcgct gcgttacatg ctggtgacg gcaaggtaa ctttggttcc 180

<210> 33

<211> 162

<212> DNA

<213> Moraxella catarrhalis

<220>

<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, MCAT

<400> 33

aactggaca agccctacaa gaaatccgcc cgtgtggtcg ggcacgtat cggtaagtac 60
caccgcacg ggcacatcg ggtctacgac accatcgatc gcatggcgca gccgttctcg 120
ctgcgttaca tgctggaga cggccaggcc aacttcgggt 162

<210> 34

<211> 213

<212> DNA

<213> Neisseria gonorrhoeae

<220>

<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, NGON

<400> 34

- 9 -

ctaaagccgg tgcaccggcg cgtactgtac gcgatgcacg agctaaaaaa taactggaaat 60
gccgcctaca aaaaatccgc ggcgcacgtca tcggtaataa ccaccccccac 120
ggcgattccg cagtttacga caccatcgac cgtatggcgc aaaatttcgc tatgcgttat 180
gtgctgatag acggacaggg caacttcgga tcg 213

<210> 35

<211> 213

<212> DNA

<213> *Pseudomonas aeruginosa*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, PAER

<400> 35

ctgaagccgg tgcaccggcg tggctttat ggcgcacgtca agctggcaa cgactggaaac 60
aagccctaca agaaatccgc cccgtgtggc ggcgcacgtca tcggtaagta ccacccgcac 120
ggcgacaccg cggcttacga caccatcgac cgcgcacgtca agccgttctc gctgcgtac 180
atgctggtag acggccaggg caacttcggt tcg 213

<210> 36

<211> 213

<212> DNA

<213> *Providencia stuartii*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, PSTU

<400> 36

ttgaaacccg tgcaccggcg tggctgttt ggcgcacgtca aactggtaa cgactggaaac 60
aagccctaca agaaatccgc cccgtgtggc ggtgacgtca tcggtaataa ccaccccccac 120
ggcgactcg cggcttacga caccatcgac cgcgcacgtca agccattctc gctgcgtac 180
ctgctggtag acggccaggg caacttcggt tcg 213

<210> 37

<211> 213

<212> DNA

<213> *Rhizobium phaseoli*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, RPHA

<400> 37

ctgaagccgg tgcaccggcg catcctctac ggcgcacgtca agctggtat cgactggaaac 60
aaaaaaatcg tcaaattgcgc cccgtgtggc ggcgcacgtca tcggtaataa tcatccgcac 120
ggcaatggcg cggcttacga tggctgtggc cgcgcacgtca agccattctc gctgcgtac 180
ccgctgtatcg acggccaggg caatttcggt tcc 213

<210> 38

<211> 213

<212> DNA

<213> *Rickettsia prowazekii*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, RPRO

<400> 38

ttaaagcctg tgcaccggcg aattatctat tccatgtatg aagccggtaa tcatgcttagc 60
aaaccttata gaaaatctgc acgaatagtt ggtgacgtca tcggtaataa tcatccctac 120

- 10 -

ggtgatagtg ctatttatga ctcgttagta cgtatggctc aagattttc tttgcgtcta 180
ccactttagt atggacaagg taatttcggc tca 213

<210> 39
<211> 213
<212> DNA
<213> Rhodobacter sphaeroides

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, RSPH

<400> 39
ctgaagccgg tgcacccggc catcctctat gcgtatgcacg agacggggaa cacgcacgac 60
aagccctacc gcaagtccggc gcggccgggt ggcgacacga tgggaaata ccaccccccac 120
ggcgatggcg cgatctatga cgcgtgggt cgatggcgc agcccttctc gatggggctg 180
aagcttctgg acggtcaggg caacttcggc tcg 213

<210> 40
<211> 168
<212> DNA
<213> Shigella flexneri

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, SFLE

<400> 40
ggcaatgact ggaacaaaggc ctataaaaaa tctgcccgtg ccgttgggtga cgtaatcggt 60
aaataccatc cccatggtga ctccggcggtt tatgacacga tcgtccgtat ggcgcagcca 120
tttcgtcgtc gttacatgct ggttagacggt caggtaact tcggttcc 168

<210> 41
<211> 180
<212> DNA
<213> Serratia marcescens

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, S.ma.I

<400> 41
atgagtgtat tgggtaacga ctggataaaa ccataacaaga aatcgccccg tgcgtcggt 60
gacgtgatcg gttaaatatca ccccacgggt gacagcgcgg tttacgacac ttcgtcggt 120
atggctcagc cgtttcaact gcgttacatg ctggtgacg gtcaggtaa cttcggttcc 180

<210> 42
<211> 180
<212> DNA
<213> Serratia marcescens

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, S.ma.II

<400> 42
atgagcgtat tgggtaacga ctggataaaa ccataacaaga aatcgccccg tgcgtcggt 60
gatgtgatcg gttaaatatca ccccacgggt gacagcgcgg tttacgacac ttcgtcggt 120
atggctcagc cgtttcaact gcgttacatg ctggtgacg gtcaggtaa cttcggttcc 180

<210> 43
<211> 180

- 11 -

<212> DNA

<213> *Serratia marcescens*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, S.ma.III

<400> 43

atgaacgtat tggtaacga ctggataaa ccataacaaga aatcgccccg tgcgtcggg 60
gacgtaatcg gtaatacca ccctcatgtt gacagcgccg tgcgtcggg 120
atggcgacgc ctttntcnct gcttacatg ctggtagacg gtcaggtaa cttcggttcc 180

<210> 44

<211> 180

<212> DNA

<213> *Serratia marcescens*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, S.ma.IV

<400> 44

atgaacgtat taggtaacga ctggataaa ccataacaaga aatcgccccg tgcgtcggg 60
gacgtaatcg gtaataatca cccgcacgtt gacagcgccg tttacgacac tgcgtcggg 120
atggctcagc cgtttcaact gcttacatg ctggtagacg gtcaggtaa cttcggttcc 180

<210> 45

<211> 180

<212> DNA

<213> *Serratia marcescens*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, S.ma.V

<400> 45

atgagtgtat tggtaacga ctggataaa ccataataaga aatctgccccg tgcgttggg 60
gacgtaatcg gtaataatca cccgcacgtt gacagcgccg tttacgacac tgcgtcggg 120
atggctcagc cgtttcaact gcttacatg ctggtagacg gtcaggtaa cttcggttcc 180

<210> 46

<211> 180

<212> DNA

<213> *Serratia marcescens*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, S.ma.VI

<400> 46

atganngtat tggnaacga ctggataaa ccataaaaa aatcgccccg tgcgtcggg 60
gacgtatcg gtaataatca ccctcacgtt gacagcgccg tttacgacac tgcgtcggg 120
atggctcagc cgtttcaact gcttacatg ctggtagacg gtcaggtaa cttcggttcc 180

<210> 47

<211> 180

<212> DNA

<213> *Serratia marcescens*

<220>

<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, S.ma.VII

- 12 -

<400> 47
atgagtgtac tggtaacga ctggataaaa ccataacaaga aatcgccccg tgcgtcggg 60
gacgtaatcg gttaatatca cccacacggt gacagcgcgg ttacgacac tgcgtgcgt 120
atggcccagc cgtttcaact gcgttacatg ctggtgacg gtcaggtaa cttcggtct 180

<210> 48
<211> 180
<212> DNA
<213> Serratia marcescens

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, S.ma.VIII

<400> 48
atgagcgtat tggtaacga ctggataaaa ccataacaaga agtcggccccg tgcgtcggg 60
gacgtgatcg gttaatatca cccgcacggt gacagcgcgg ttacgacac tgcgtgcgt 120
atggctcagc cgtttcaact gcgttacatg ctggtgacg gtcaggtaa cttcggtct 180

<210> 49
<211> 213
<212> DNA
<213> Serratia marcescens

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, SMAR

<400> 49
ctgaagccgg ttcaccggccg cgttctgtac gcgatgagcg tattggtaa cgactggaaat 60
aaaccataca agaaatcgcc ccgtgtcgcc ggggacgtga tcggtaaata tcacccgcac 120
ggtgacagcg cggttacga cactatcggt cgtatggctc agccgttttc actgcgctac 180
atgctggtgg acggtcaggg taacttcggc tcc 213

<210> 50
<211> 180
<212> DNA
<213> Salmonella typhimurium

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, S.ty.

<400> 50
atgaacgtat tggcaatga ctggacaaa gcctataaaa aatctgccccg tgcgttgg 60
gacgtaatcg gttaatcca tccccacggc gattccgcag tgcgttgcgt 120
atggcgcagc cattctcgct gcgttacatg ctggtgatg gtcaggtaa cttcggtct 180

<210> 51
<211> 147
<212> DNA
<213> Salmonella typhimurium

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, STYM

<400> 51
tataaaaaat ctgcccgtgt cgttggtgac gtaatcgta aataccatcc ccacggcgat 60
tccgcagtgt atgacaccat cgttcgatg gcgcagccat tctcgctgcg ttacatgctg 120
gtggatggtc agggtaactt cggttct 147

- 13 -

<210> 52
<211> 213
<212> DNA
<213> *Vibrio salmonicida*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, VSAL

<400> 52
ctaaaacctg tacaccggccg tgtttattc gcgtatggatg tatttaggtaa tgattggaaat 60
aaaccatata aaaaatctgc ccgtgtcgtc ggcgacgtaa ttggtaagta tcacccacat 120
ggtgatagtg ctgtatacga cacgatagta cgtattgcgc agccgttctc actacgctat 180
atgcttggtg atggccaagg taacttttgt tct 213

<210> 53
<211> 126
<212> DNA
<213> *Acinetobacter baumannii*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, ABAU

<400> 53
gttggtgacg taatcggtaa atatcacccg catggtgact cagctgttta taaaaccatt 60
gttcgtatgg ctcaagactt tagcttacgt tatttattgg ttgatggtca gggtaacttc 120
ggttcg 126

<210> 54
<211> 180
<212> DNA
<213> *Escherichia coli*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, E.co.I

<400> 54
atgaacgtac taggcaatga ctggAACAAA gcctataaaa aatctgcccc tgctgttgtt 60
gacgtaatcg gtAAATACCA tccccatggt gactcggcgg tttatgacac gatcgccgt 120
atggcgcagc cattctcgct gcgttacatg ctggtagacg gtcagggtaa ctccggttcc 180

<210> 55
<211> 213
<212> DNA
<213> *Sinorhizobium meliloti*

<220>
<223> Figur 1, *gyrA*, partial sequence, RMEL

<400> 55
ctgaagccgg tgcatcgccg gatcattcat gccatgagcg agatgggcct caggcccaat 60
tcctcggtca agaaatgcgc ccgtatcgtc ggcgacgtca tcggtaagtt ccacccgcat 120
ggcggaccagt cggctatga cgcgtggta cgcctcgccg aggacttctc ccagcgctat 180
ccggtcgtcg acggccaggg caacttcggc aat 213

<210> 56
<211> 153
<212> DNA
<213> *Bacillus spp.*

- 14 -

<220>

<223> Figur 2, gyrB, partial sequence, Bac.spp

<400> 56

ctcccaagaa aactagcaga ctgttcgtca cgcgacgctt cgattagtga gatttacatt 60
gtggaggggg actctgtctgg cggatcggcc aaacaaggcc gtgatcggca tttccaagcg 120
attctcccat tgcgccggaa aatcttaaat gta 153

<210> 57

<211> 153

<212> DNA

<213> Citrobacter freundii

<220>

<223> Figur 2, gyrB, partial sequence, C.fre.

<400> 57

ctgccgggca aactggcgga ctgtcaggaa cgcgacccgg ctcattctga actgtacctg 60
gtgaaagggg actcagcggg cggttttcg aagcaggggac gtaaccgtaa gaaccaggcg 120
attctgccgc tcaagggtaa aattcttaac gtt 153

<210> 58

<211> 153

<212> DNA

<213> Citrobacter spp.

<220>

<223> Figur 2, gyrB, partial sequence, C.spp.

<400> 58

ctgccgggca agctggcgga ctgtcaggaa cgcgacccgg cgctgtccga actgtacctt 60
gtgaaagggg actccgcggg cggttttcg aagcaggggcc gtaaccgtaa aaaccaggcg 120
attctgccgc tgaagggtaa aatcctcaac gtc 153

<210> 59

<211> 153

<212> DNA

<213> Escherichia coli

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(153)

<223> Figur 2, gyrB, partial sequence, E.coli

<400> 59

ctg ccg ggc aaa ctg gca gac tgc cag gaa cgc gat ccg gcg ctt tcc 48
Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Gln Glu Arg Asp Pro Ala Leu Ser
1 5 10 15

gaa ctg tac ctg gtg gaa ggg gac tcc gcg ggc ggc tct gcg aag cag 96
Glu Leu Tyr Leu Val Glu Gly Asp Ser Ala Gly Ser Ala Lys Gln
20 25 30

ggg cgt aac cgc aag aac cag gcg att ctg ccg ctg aag ggt aaa atc 144
Gly Arg Asn Arg Lys Asn Gln Ala Ile Leu Pro Leu Lys Gly Lys Ile
35 40 45

ctc aac gtc

153

- 15 -

Leu Asn Val
50

<210> 60
<211> 51
<212> PRT
<213> Escherichia coli

<400> 60
Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Gln Glu Arg Asp Pro Ala Leu Ser
1 5 10 15

Glu Leu Tyr Leu Val Glu Gly Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Gln
20 25 30

Gly Arg Asn Arg Lys Asn Gln Ala Ile Leu Pro Leu Lys Gly Lys Ile
35 40 45

Leu Asn Val
50

<210> 61
<211> 153
<212> DNA
<213> Mycobacterium tuberculosis

<220>
<223> Figur 2, gyrB, partial sequence, M.tub.

<400> 61
ttggccggca agctggccga ttgccgttcc acggatccgc gcaagtccga actgtatgtc 60
gtagaaggtg actcggccgg cggttctgca aaaagcggtc gcgattcgat gttccaggcg 120
atactccgc tgcgcggcaa gatcatcaat gtg 153

<210> 62
<211> 153
<212> DNA
<213> Neisseria gonorrhoeae

<220>
<223> Figur 2, gyrB, partial sequence, N.gon.

<400> 62
ctggccggca aactcgccga ctgccaggaa aaagaccctg ccctgtctga actctacctc 60
gtcgagggca actccgcagg cggttccgcc atgcagggcc gcgaccgcaa attccaagcg 120
atttgccgc tcaaaggtaa aatttgaac gtc 153

<210> 63
<211> 153
<212> DNA
<213> Staphylococcus aureus

<220>
<223> Figur 2, gyrB, partial sequence, S.aur.

<400> 63
cttccaggta aattagccga ttgctctagt aaaagtccctg aagaatgtga gattttctta 60
gtcgaggggg actctgcccc ggggtctaca aatctggtc gtgactctag aacgcaggcg 120

- 16 -

attttaccat tacgaggtaa gatattaaat gtt 153
<210> 64
<211> 153
<212> DNA
<213> *Salmonella typhimurium*

<220>
<223> Figur 2, *gyrB*, partial sequence, *S.tym.*

<400> 64
ctggccggca aactggcgga ctgtcaggaa cgcgaccgg cgctgtccga actgtacctg 60
gttgaagggg actccgcggg cggctctgcg aagcaggggc gtaaccgcaa gaaccaggcg 120
attctgcccgc tgaaggtaa aatccttaac gtc 153

<210> 65
<211> 150
<212> DNA
<213> *Acinetobacter baumannii*

<220>
<223> Figur 3, *parC*, partial sequence, *A.ba.*

<400> 65
aaatcagcgc gtacagtggg tgatgtactt ggtaaataacc acceacatgg tgacteggca 60
tgttatgaag ccatggtaact catggctcag ccatttagtt accgctatcc tttatcgaa 120
ggtcagggga actgggttc acctgtatgtat 150

<210> 66
<211> 150
<212> DNA
<213> *Bacillus subtilis*

<220>
<223> Figur 3, *parC*, partial sequence, *B. sub.*

<400> 66
aaacggggca aaacgggtcgg taacgtcata ggttaactatac atccgcacgg tgacagctcg 60
gttatgaag caatggtcg gatgagccag gattggaaag ttcgtaatgt gttatcgaa 120
atgcattggaa acaatggaa catcgacgg 150

<210> 67
<211> 144
<212> DNA
<213> *Citrobacter freundii*

<220>
<223> Figur 3, *parC*, partial sequence, *C.fr.*

<400> 67
aaatccggcc gtaccgtcgg tgacgtactg ggtaaataacc acccacacgg cgacagcgca 60
tgttatgaag cgatgggtct gatggcgcag ccgttctttt accgctatcc gctgggttgc 120
ggcagggggaa actggggggc gccc 144

<210> 68
<211> 99
<212> DNA
<213> *Enterobacter cloacae*

- 17 -

<220>

<223> Figur 3, parC, partial sequence, E.cl.

<400> 68

aaatccgccc gtaccgtcgg tgacgtactg ggtaaatatac atccgcacgg cgacagcgcc 60
tgctatgaag cgatggtgct gatggcgcag ccgttctct 99

<210> 69

<211> 150

<212> DNA

<213> Escherichia coli

<220>

<223> Figur 3, parC, partial sequence, E.co.

<400> 69

aaatccgccc gtaccgtcgg tgacgtactg ggtaaatacc atccgcacgg cgatagtgcc 60
tgttatgaag cgatggctt gatggcgcag ccgttcttt accgttatcc gctgggttat 120
ggtcagggaa actggggcgc gccggacgat 150

<210> 70

<211> 150

<212> DNA

<213> Escherichia coli

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(150)

<223> Figur 3, parC, partial sequence, E.co.K12

<400> 70

aaa tcg gcc cgt acc gtc ggt gac gta ctg ggt aaa tac cat ccg cac 48
Lys Ser Ala Arg Thr Val Gly Asp Val Leu Gly Lys Tyr His Pro His
1 5 10 15

ggc gat agc gcc tgc tat gaa gca atg gtc ctg atg gca caa ccg ttc 96
Gly Asp Ser Ala Cys Tyr Glu Ala Met Val Leu Met Ala Gln Pro Phe
20 25 30

tct tac cgt tat ccg ctg gtt gat ggt cag ggg aac tgg ggc gca ccg 144
Ser Tyr Arg Tyr Pro Leu Val Asp Gly Gln Gly Asn Trp Gly Ala Pro
35 40 45

gac gat

Asp Asp

50

150

<210> 71

<211> 50

<212> PRT

<213> Escherichia coli

<400> 71

Lys Ser Ala Arg Thr Val Gly Asp Val Leu Gly Lys Tyr His Pro His
1 5 10 15

Gly Asp Ser Ala Cys Tyr Glu Ala Met Val Leu Met Ala Gln Pro Phe
20 25 30

- 18 -

Ser Tyr Arg Tyr Pro Leu Val Asp Gly Gln Gly Asn Trp Gly Ala Pro
35 40 45

Asp Asp
50

<210> 72
<211> 150
<212> DNA
<213> Enterobacter sakazakii

<220>
<223> Figur 3, parC, partial sequence, E.sak.

<400> 72
aaatccgccc gtaccgtcgg cgacgtgctg ggttaaatacc atccgcacgg cgacagcgcc 60
tgctatgaag cgatgggtct gatggccag ccgttctt atcgctatcc gctggtgat 120
ggccaggggaa actggggggc gccggacat 150

<210> 73
<211> 150
<212> DNA
<213> Haemophilus influenzae

<220>
<223> Figur 3, parC, partial sequence, H.inf.

<400> 73
aaatctgctc gtaccgtcgg tgatgtactc ggttaattcc atccacatgg tgacagtgt 60
tgttatgaag ctatgggttt aatggcacaa cccttctt atcgctatcc actttagat 120
ggtcaaggta actggggggc accagatgtat 150

<210> 74
<211> 120
<212> DNA
<213> Klebsiella oxytoca

<220>
<223> Figur 3, parC, partial sequence, K.ox.

<400> 74
aagtccgccc gcaccgtcgg cgacgtgctg ggttaaatacc atccccacgg cgacagcgcc 60
tgctatgaag ccatgggtct gatggctcag cccttctt accgctatcc gctggtgac 120

<210> 75
<211> 144
<212> DNA
<213> Klebsiella pneumoniae

<220>
<223> Figur 3, parC, partial sequence, K.pn.

<400> 75
aagtccgccc gcaccgtcgg cgacgtgtt ggttaaatatc accccgcacgg cgacagcgcc 60
tgctatgaag cgatgggtct gatggcgcag ccgttctt accgctatcc gctggtgat 120
ggtcaggaa actggggggc gccc 144

<210> 76

- 19 -

<211> 90
<212> DNA
<213> *Mycoplasma genitalium*

<220>
<223> *Figur 3, parC, partial sequence, M.gen.*

<400> 76
aaatcagccc gtgctgttgg ggagatcatg gggaaataacc accccatgg tgatagttcc 60
atttatgatg caattatcag aatgtcccaa 90

<210> 77
<211> 150
<212> DNA
<213> *Neisseria gonorrhoeae*

<220>
<223> *Figur 3, parC, partial sequence, N.go.*

<400> 77
aaatcggcgc gcgtggtcgg cgagattttgg gttaaataacc atccgcacgg cgacacttcc 60
gcctatgagg cgatggtgcg catgctcag gattttacct tgcgtatcc ctaatcgac 120
ggcatcggca acttcgggttc gcgcgacggc 150

<210> 78
<211> 150
<212> DNA
<213> *Pseudomonas aeruginosa*

<220>
<223> *Figur 3, parC, partial sequence, P.aer.*

<400> 78
aagtccggcgc gcaccgtcgg cgacgtgctc ggcaagtcc acccgacgg cgactcggcc 60
tgctacgagg ccatggtgct gatggcgcag ccgttctcct atcgctatcc gctggtgac 120
ggccaggggca actggggggc tccggacgat 150

<210> 79
<211> 150
<212> DNA
<213> *Staphylococcus aureus*

<220>
<223> *Figur 3, parC, partial sequence, S.au.*

<400> 79
aaaagtgcga aaacagtccgg tgatgttatt ggtcaatatac atccacatgg agactcctca 60
gtgtacgaag caatggtccg tttaagtcaa gactggaaatg tacgacatgt ctaatagaa 120
atgcatggta ataatggtag tatcgataat 150

<210> 80
<211> 150
<212> DNA
<213> *Shigella flexneri*

<220>
<223> *Figur 3, parC, partial sequence, S.fle.*

- 20 -

<400> 80
aaatcgcccc gtaccgtcgg tgacgtactg ggtaaatacc atccgcacgg cgatacgccc 60
tgttatgaac cgatggtcct gatggcgcag ccgttcttt accgttatcc gctggttgat 120
ggtcagggga actggggcgc gcccggacgat 150

<210> 81
<211> 150
<212> DNA
<213> *Serratia marcescens*

<220>
<223> Figur 3, parC, partial sequence, S.ma.

<400> 81
aaatccgcccc gtaccgttgg tgacgtactg ggtaagtatac acccgcatgg cgacacgcgc 60
tgctatgaag ccatggtgct gatggcgcag ccgttcttt accgttaccc gctggtcgat 120
ggccagggga actggggcgc gcccggatgat 150

<210> 82
<211> 150
<212> DNA
<213> *Streptococcus pneumoniae*

<220>
<223> Figur 3, parC, partial sequence, S.pn.

<400> 82
aagtccggcca agtcagtcgg gaacatcatg gggaaatttcc acccacacgg ggattcttct 60
atctatgatg ccatggttcg tatgtcacag aactggaaaa atcgtgagat tctagttgaa 120
atgcacggta ataacgggtc tatggacgga 150

<210> 83
<211> 150
<212> DNA
<213> *Salmonella typhimurium*

<220>
<223> Figur 3, parC, partial sequence, S.tym.

<400> 83
aaatccgcccc gtaccgttgg tgacgtactg ggtaagtatac acccgcatgg cgacacgcgc 60
tgctatgaag ccatggtgct gatggcgcag ccgttcttt accgttaccc gctggtcgat 120
ggccagggga actggggcgc gcccggatgat 150

<210> 84
<211> 105
<212> DNA
<213> *Bacillus subtilis*

<220>
<223> Figur 4, parE, partial sequence, B.sub.

<400> 84
gaattgtatc tcgttgagg agattcagca ggccgggtcag ccaagcaggg acgagaccgc 60
agattccagg cggttctgcc tttacgcggt aaagtcatta ataca 105

<210> 85
<211> 105

- 21 -

<212> DNA
<213> Caulobacter crescentus

<220>
<223> Figur 4, parE, partial sequence, C.cre.

<400> 85
gagctgttca tcgtcgaagg cgacagcgcc ggccggctcgg ccaagcaggc cccgcgaccgc 60
aagtaccagg ccatcctgcc cctgcgcggc aagatcctca acgtg 105

<210> 86
<211> 105
<212> DNA
<213> Escherichia coli

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(105)
<223> Figur 4, parE, partial sequence, E.coli

<400> 86
gag ctg ttc ctt gtg gaa ggt gac tcc gca ggc gga tct gcc aag cag 48
Glu Leu Phe Leu Val Glu Gly Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Gln
1 5 10 15

gcg cgc gat cgc gaa tat cag gcg atc atg cca ctg aaa ggt aag atc 96
Ala Arg Asp Arg Glu Tyr Gln Ala Ile Met Pro Leu Lys Gly Lys Ile
20 25 30

ctt aac acc 105
Leu Asn Thr
35

<210> 87
<211> 35
<212> PRT
<213> Escherichia coli

<400> 87
Glu Leu Phe Leu Val Glu Gly Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Gln
1 5 10 15

Ala Arg Asp Arg Glu Tyr Gln Ala Ile Met Pro Leu Lys Gly Lys Ile
20 25 30

Leu Asn Thr
35

<210> 88
<211> 105
<212> DNA
<213> Mycoplasma genitalium

<220>
<223> Figur 4, parE, partial sequence, M.gen.

<400> 88
gagttgttta ttgttgaagg tgatagtgt ggtggactg ctaaaatggg ccgtgataga 60

- 22 -

atttttcaag ctatcttacc tttgcgcggc aaggtgttaa atgtt 105
<210> 89
<211> 105
<212> DNA
<213> *Streptococcus pneumoniae*

<220>
<223> Figur 4, parE, partial sequence, S.pne.

<400> 89
gaactctatc tagttgaggg ggactctgcc ggtggttctg ccaaacaagg tcgtgaccgc 60
aagtccagg ctattcttacc tcttcgttgt aaggttatca ataca 105

<210> 90
<211> 105
<212> DNA
<213> *Salmonella typhimurium*

<220>
<223> Figur 4, parE, partial sequence, S.tym.

<400> 90
gagctgttcc ttgtggaagg ggattcggcg ggcggttccg ccaagcaggc ggcgcatgc 60
gaatatcagg cgatcatgcc gctaaaggt aagatcctta acacc 105

<210> 91
<211> 180
<212> DNA
<213> *Citrobacter freundii*

<220>
<223> Figur 1, gyrA, partial sequence, C.fr.II

<400> 91
atgaacgtat tgggcaacga ctggaataaa gcctataaaa aatctgcccgt tgtcgttgt 60
gacgtaatcg gtaaaatacca ccctcatgggt gataccgctg tttacgacac cattgttctgt 120
atggcgcagc cattctccctt gcgttacatg ctggtagatg gtcagggtaa ctttgggtct 180

<210> 92
<211> 26
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer zur
Klassifizierung von Enterobakterien

<400> 92
gaatccggga tacagtagag ggatag 26

<210> 93
<211> 26
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer zur

- 23 -

Klassifizierung von Enterobakterien

<400> 93	
ccttaaacca accgtactgc aggct	26
<210> 94	
<211> 25	
<212> DNA	
<213> Künstliche Sequenz	
<220>	
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer zur	
Klassifizierung von Enterobakterien	
<400> 94	
gtatgcgatg tctgaactgg gcctg	25
<210> 95	
<211> 25	
<212> DNA	
<213> Künstliche Sequenz	
<220>	
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer zur	
Klassifizierung von Enterobakterien	
<400> 95	
accgggattc ggtgtaacgc attgc	25
<210> 96	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Künstliche Sequenz	
<220>	
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer zur	
Klassifizierung von Enterobakterien	
<400> 96	
gagctgttcc ttgtggaagg	20
<210> 97	
<211> 20	
<212> DNA	
<213> Künstliche Sequenz	
<220>	
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer zur	
Klassifizierung von Enterobakterien	
<400> 97	
gagctgttcc ttgtggaggg	20
<210> 98	
<211> 18	
<212> DNA	
<213> Künstliche Sequenz	

- 24 -

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Primer zur
Klassifizierung von Enterobakterien

<400> 98
ggtgttaagg atcttacc

18

<210> 99
<211> 18
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Primer zur
Klassifizierung von Enterobakterien

<400> 99
ggtatttaagg accttacc

18

<210> 100
<211> 17
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Primer zur
Klassifizierung von Enterobakterien

<400> 100
ctgccggca aactggc

17

<210> 101
<211> 17
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Primer zur
Klassifizierung von Enterobakterien

<400> 101
ctgccggca aacttagc

17

<210> 102
<211> 17
<212> DNA
<213> Künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz:Primer zur
Klassifizierung von Enterobakterien

<400> 102
acgttgagga ttttacc

17

<210> 103
<211> 17

- 25 -

<212> DNA

<213> Künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer zur
Klassifizierung von Enterobakterien

<400> 103

acgttaagaa ttttacc

17

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Int: International Application No
PCT/EP 00/03187

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
IPC 7 C12Q1/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
IPC 7 C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

MEDLINE, CHEM ABS Data, BIOSIS, EMBASE, PAJ, EMBL

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	US 5 645 994 A (HUANG WAI MUN) 8 July 1997 (1997-07-08) Siehe Spalte 14, Zeile 8-18. Siehe "Seq.ID 196" the whole document	1-9
X	HUANG: "Bacterial diversity based on type II DNA topoisomerase genes" ANNU.REV.GENET., vol. 30, 1996, pages 79-107, XP000891519 the whole document	1-4,7-9

Further documents are listed in the continuation of box C.

Patent family members are listed in annex.

Special categories of cited documents :

- "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- "E" earlier document but published on or after the international filing date
- "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

Date of mailing of the international search report

22 September 2000

29/09/2000

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patenttaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Hagenmaier, S

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/EP 00/03187

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WEIGEL L ET AL: "gyrA mutations associated with fluoroquinolone resistance in eight species of enterobacteriaceae" ANTIMICROBIAL AGENTS AND CHEMOTHERAPY, vol. 42, no. 10, October 1998 (1998-10), pages 2661-67, XP002118443 the whole document	1-4,7-9
X	GUILLEMINE ET AL.: "Correlation between quinolone susceptibility patterns and sequences in the A and B subunits of DNA gyrase in mycobacteria" ANTIMICROB. AGENTS AND CHEMOTHERAPY, vol. 42, no. 8, 1998, pages 2084-2088, XP002133967 Siehe S.2087, linke Spalte, Absatz 1. the whole document	1-4,7-9
X	YAMADA ET AL.: "Cloning and nucleotide sequence analysis of gyrB of <i>Bacillus cereus</i> , <i>B.thuringiensis</i> , <i>B.mycoides</i> , and <i>B.anthracis</i> and their application to the detection of <i>B.cereus</i> in rice" APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY, vol. 65, no. 4, April 1999 (1999-04), pages 1483-1490, XP002133968 the whole document	1-4,7-9
X	WO 94 01584 A (HARVARD COLLEGE ;FARR SPENCER B (US)) 20 January 1994 (1994-01-20) Siehe "gyr-lacZ fusion construction primer #2", Bsp. 6, Seite 54	5,6
A	NISHINO Y ET AL: "Mutations in the gyrA and parC genes associated with fluoroquinolone resistance in clinical isolates of <i>citrobacter freundii</i> " FEMS MICROBIOLOGY LETTERS, vol. 154, no. 2, 1997, pages 409-14, XP002118439 the whole document	
A	BACHOUL R ET AL: "Analysis of the mutations involved in fluoroquinolone resistance of <i>in vivo</i> and <i>in vitro</i> mutants of <i>Escherichia coli</i> " MICROBIAL DRUG RESISTANCE, vol. 4, no. 4, 1998, pages 271-6, XP002118442 the whole document	
		-/-

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Int	lational Application No
PCT/EP 00/03187	

C(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	MARGERRISON ET AL: "Nucleotide Sequence of the <i>Staphylococcus aureus</i> <i>gyrB-gyrA</i> Locus Encoding the DNA Gyrase A and B Proteins" JOURNAL OF BACTERIOLOGY, US, WASHINGTON, DC, vol. 174, no. 5, 1 March 1992 (1992-03-01), pages 1596-1603, XP002087511 ISSN: 0021-9193 the whole document	
A	KUMAGAI ET AL.: "Quinolone-resistant mutants of <i>E.coli</i> DNA topoisomerase IV <i>parC</i> gene" ANTIMICROBIAL AGENTS AND CHEMOTHERAPY, vol. 40, no. 3, March 1996 (1996-03), pages 710-714, XP002133969 the whole document	
A	BEBEAR ET AL.: "Cloning and nucleotide sequences of the topoisomerase IV <i>parC</i> and <i>parE</i> genes of <i>Mycoplasma hominis</i> " ANTIMICROBIAL AGENTS AND CHEMOTHERAPY, vol. 42, no. 8, August 1998 (1998-08), XP002133970 the whole document	
A	EP 0 688 873 A (BAYER AG) 27 December 1995 (1995-12-27) the whole document	
P,X	WO 99 50458 A (TENOVER FRED C ;WEIGEL LINDA M (US); GOVERNMENT OF THE UNITED STATES) 7 October 1999 (1999-10-07) the whole document	1-9

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

Int'l. Application No
PCT/EP 00/03187

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)		Publication date
US 5645994	A	08-07-1997	NONE		
WO 9401584	A	20-01-1994	AT 162225 T		15-01-1998
			AU 687353 B		26-02-1998
			AU 4588493 A		31-01-1994
			DE 69316368 D		19-02-1998
			DE 69316368 T		25-06-1998
			EP 0651825 A		10-05-1995
			ES 2113546 T		01-05-1998
			GR 3026639 T		31-07-1998
			HK 1008433 A		07-05-1999
			JP 8501930 T		05-03-1996
			NO 950040 A		06-03-1995
			US 5585232 A		17-12-1996
			US 5589337 A		31-12-1996
EP 0688873	A	27-12-1995	DE 4421901 A		04-01-1996
			CA 2152218 A		24-12-1995
			HU 71861 A		28-02-1996
			JP 8000298 A		09-01-1996
			US 6015666 A		18-01-2000
WO 9950458	A	07-10-1999	AU 3372399 A		18-10-1999

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Int. nationales Aktenzeichen
PCT/EP 00/03187

A. KLASIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES
IPK 7 C12Q1/68

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprässtoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)
IPK 7 C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprässtoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der Internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

MEDLINE, CHEM ABS Data, BIOSIS, EMBASE, PAJ, EMBL

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	US 5 645 994 A (HUANG WAI MUN) 8. Juli 1997 (1997-07-08) Siehe Spalte 14, Zeile 8-18. Siehe "Seq.ID 196" das ganze Dokument	1-9
X	HUANG: "Bacterial diversity based on type II DNA topoisomerase genes" ANNU. REV. GENET., Bd. 30, 1996, Seiten 79-107, XP000891519 das ganze Dokument	1-4, 7-9

Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

Siehe Anhang Patentfamilie

- * Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :
- *A* Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist
- *E* älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist
- *L* Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchebericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)
- *O* Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht
- *P* Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist
- *T* Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist
- *X* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erforderlicher Tätigkeit beruhend betrachtet werden
- *Y* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erforderlicher Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist
- *&* Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der Internationalen Recherche	Ablaufdatum des Internationalen Rechercheberichts
22. September 2000	29/09/2000
Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde Europäisches Patentamt, P.B. 5618 Patentaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl. Fax: (+31-70) 340-3018	Bevollmächtigter Bediensteter Hagenmaier, S

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Inte .onales Altenzichen
PCT/EP 00/03187

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGEGENEN UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	WEIGEL L ET AL: "gyrA mutations associated with fluoroquinolone resistance in eight species of enterobacteriaceae" ANTIMICROBIAL AGENTS AND CHEMOTHERAPY, Bd. 42, Nr. 10, Oktober 1998 (1998-10), Seiten 2661-67, XP002118443 das ganze Dokument	1-4,7-9
X	GUILLEMINE ET AL.: "Correlation between quinolone susceptibility patterns and sequences in the A and B subunits of DNA gyrase in mycobacteria" ANTIMICROB. AGENTS AND CHEMOTHERAPY, Bd. 42, Nr. 8, 1998, Seiten 2084-2088, XP002133967 Siehe S.2087, linke Spalte, Absatz 1. das ganze Dokument	1-4,7-9
X	YAMADA ET AL.: "Cloning and nucleotide sequence analysis of gyrB of <i>Bacillus cereus</i> , <i>B.thuringiensis</i> , <i>B.mycoides</i> , and <i>B.anthracis</i> and their application to the detection of <i>B.cereus</i> in rice" APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY, Bd. 65, Nr. 4, April 1999 (1999-04), Seiten 1483-1490, XP002133968 das ganze Dokument	1-4,7-9
X	WO 94 01584 A (HARVARD COLLEGE ;FARR SPENCER B (US)) 20. Januar 1994 (1994-01-20) Siehe "gyr-lacZ fusion construction primer #2", Bsp. 6, Seite 54	5,6
A	NISHINO Y ET AL: "Mutations in the gyrA and parC genes associated with fluoroquinolone resistance in clinical isolates of <i>citrobacter freundii</i> " FEMS MICROBIOLOGY LETTERS, Bd. 154, Nr. 2, 1997, Seiten 409-14, XP002118439 das ganze Dokument	
A	BACHOUL R ET AL: "Analysis of the mutations involved in fluoroquinolone resistance of in vivo and in vitro mutants of <i>Escherichia coli</i> " MICROBIAL DRUG RESISTANCE, Bd. 4, Nr. 4, 1998, Seiten 271-6, XP002118442 das ganze Dokument	

-/-

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Int. nationales Aktenzeichen
PCT/EP 00/03187

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	MARGERRISON ET AL: "Nucleotide Sequence of the <i>Staphylococcus aureus</i> <i>gyrB-gyrA</i> Locus Encoding the DNA Gyrase A and B Proteins" JOURNAL OF BACTERIOLOGY, US, WASHINGTON, DC, Bd. 174, Nr. 5, 1. März 1992 (1992-03-01), Seiten 1596-1603, XP002087511 ISSN: 0021-9193 das ganze Dokument	
A	KUMAGAI ET AL.: "Quinolone-resistant mutants of <i>E.coli</i> DNA topoisomerase IV <i>parC</i> gene" ANTIMICROBIAL AGENTS AND CHEMOTHERAPY, Bd. 40, Nr. 3, März 1996 (1996-03), Seiten 710-714, XP002133969 das ganze Dokument	
A	BEBEAR ET AL.: "Cloning and nucleotide sequences of the topoisomerase IV <i>parC</i> and <i>parE</i> genes of <i>Mycoplasma hominis</i> " ANTIMICROBIAL AGENTS AND CHEMOTHERAPY, Bd. 42, Nr. 8, August 1998 (1998-08), XP002133970 das ganze Dokument	
A	EP 0 688 873 A (BAYER AG) 27. Dezember 1995 (1995-12-27) das ganze Dokument	
P,X	WO 99 50458 A (TENOVER FRED C ;WEIGEL LINDA M (US); GOVERNMENT OF THE UNITED STATES) 7. Oktober 1999 (1999-10-07) das ganze Dokument	1-9

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Int: Internationales Aktenzeichen
PCT/EP 00/03187

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument		Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie		Datum der Veröffentlichung
US 5645994	A	08-07-1997	KEINE		
WO 9401584	A	20-01-1994	AT 162225 T AU 687353 B AU 4588493 A DE 69316368 D DE 69316368 T EP 0651825 A ES 2113546 T GR 3026639 T HK 1008433 A JP 8501930 T NO 950040 A US 5585232 A US 5589337 A	15-01-1998 26-02-1998 31-01-1994 19-02-1998 25-06-1998 10-05-1995 01-05-1998 31-07-1998 07-05-1999 05-03-1996 06-03-1995 17-12-1996 31-12-1996	
EP 0688873	A	27-12-1995	DE 4421901 A CA 2152218 A HU 71861 A JP 8000298 A US 6015666 A	04-01-1996 24-12-1995 28-02-1996 09-01-1996 18-01-2000	
WO 9950458	A	07-10-1999	AU 3372399 A	18-10-1999	

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS**
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- FADED TEXT OR DRAWING**
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- SKEWED/SLANTED IMAGES**
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- GRAY SCALE DOCUMENTS**
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.